

PT useful in protective vaccines and for diagnosis -
XX
PS Claim 1, Fig 3A-W; 247pp; English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis strain 4223 genomic 200kDa coding sequence, which is
CC given in the exemplification of the present invention.
XX
SQ Sequence 6144 BP; 2014 A; 1403 C; 1399 G; 1328 T; 0 other;
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 22; Length 6144;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141: Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGATCATCATCTAATAAGTATCTTTACAAAGCCACAGCAGACATTTATGCAAGTSCA 60
Db 1 ATGATCATCATCTAATAAGTATCTTTACAAAGCCACAGCAGACATTTATGCAAGTSCA 60
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACAGCAGCGGGGGGGTACTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
Db 61 GAGTACGCCAATATCCACAGCAGCGGGGGGGTACTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
QY 121 GTATGACTCTGAGCTTTGGCCGTATTGGCCGCGCTGCTCTGATGATGGTGCAAG 180
Db 121 GTATGACTCTGAGCTTTGGCCGTATTGGCCGCGCTGCTCTGATGATGGTGCAAG 180
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATCGCAATTGGTGAACAA 240
Db 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATCGCAATTGGTGAACAA 240
QY 241 AACGAGCCAAAGCCTCAGGACACTGCCAAGCGGAGGTATCGAGCATTTGCTATTGGT 300
Db 241 AACGAGCCAAAGCCTCAGGACACTGCCAAGCGGAGGTATCGAGCATTTGCTATTGGT 300
QY 301 GAAATATCTAAACGACAGGGGGGTCAAGGCCATCGCATCGTAGTAGTAATAAACTGTC 360
Db 301 GAAATATCTAAACGACAGGGGGGTCAAGGCCATCGCATCGTAGTAGTAATAAACTGTC 360
QY 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCATC 420
Db 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCATC 420
QY 421 GGTGGTATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTACTTACAT 480
Db 421 GGTGGTATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTACTTACAT 480
QY 481 TTGCTGATCGATGGTGAATCCTAAACATCCGAAAGTACTGATTAACGATCTTATT 540
Db 481 TTGCTGATCGATGGTGAATCCTAAACATCCGAAAGTACTGATTAACGATCTTATT 540
QY 541 AACGGCCATGCACTATTAAAGAATAGAGTCAAGAGTCAAGATAGTAAATATATGA 600
Db 541 AACGGCCATGCACTATTAAAGAATAGAGTCAAGAGTCAAGATAGTAAATATATGA 600
QY 601 CGCACAACCGCAGACGACAGCAGTACTGAGTGGAGCCATGTCTATATGACAGAGGT 660
Db 601 CGCACAACCGCAGACGACAGCAGTACTGAGTGGAGCCATGTCTATATGACAGAGGT 660
QY 661 CATTTTCCAAAGGCTTTGATACAGGGCAACAGTAAAGTGGCTATTCTTTGGCAGTG 720
Db 661 CATTTTCCAAAGGCTTTGATACAGGGCAACAGTAAAGTGGCTATTCTTTGGCAGTG 720

QY 721 GGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCATCTACAAATCGCTATTGGTCTGATGCAACATCT 780
Db 721 GGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCATCTACAAATCGCTATTGGTCTGATGCAACATCT 780
QY 781 AGCTGTTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTGCTCAGCTCAGAGGAGTAT 840
Db 781 AGCTGTTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTGCTCAGCTCAGAGGAGTAT 840
QY 841 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTCTCAGAGTGTATATTTCTAGACCGGCTATATCA 900
Db 841 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTCTCAGAGTGTATATTTCTAGACCGGCTATATCA 900
QY 901 CCAATATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACAGAGGGGTCCA 960
Db 901 CCAATATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACAGAGGGGTCCA 960
QY 961 CTTTCCATTTGGTAGTAACTATCAACAGTAAATCATCAATGTCGTCAGGTGTTAAT 1020
Db 961 CTTTCCATTTGGTAGTAACTATCAACAGTAAATCATCAATGTCGTCAGGTGTTAAT 1020
QY 1021 AAAACCGATGGGTCATAGTGGCACAGCTAGACGGGTGGTGAAGTGGGCTAAGAGGCT 1080
Db 1021 AAAACCGATGGGTCATAGTGGCACAGCTAGACGGGTGGTGAAGTGGGCTAAGAGGCT 1080
QY 1081 AGAATTTACTTTTCAAGGCTGATGATAACTACTGACGTAAATAATAGTTGGATATCT 1140
Db 1081 AGAATTTACTTTTCAAGGCTGATGATAACTACTGACGTAAATAATAGTTGGATATCT 1140
QY 1141 TTAATTTAAAGTGGTGCAGACAGCAGCATTAACCGATATATATGCTGGTGCTA 1200
Db 1141 TTAATTTAAAGTGGTGCAGACAGCAGCATTAACCGATATATATGCTGGTGCTA 1200
QY 1201 AAAGAGCTGATTAATAGGCTGCTGAAAGTTAACTGCTTAAACCTTTAAACAATCTTACT 1260
Db 1201 AAAGAGCTGATTAATAGGCTGCTGAAAGTTAACTGCTTAAACCTTTAAACAATCTTACT 1260
QY 1261 GAGGTAAATACACTTACTTAATATGCCCACAACAGTTAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
Db 1261 GAGGTAAATACACTTACTTAATATGCCCACAACAGTTAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
QY 1321 ACTACAGCTGAATTTATGATGATAGTATTAACTTTACCCAGCCCATACAGGAGTCAA 1380
Db 1321 ACTACAGCTGAATTTATGATGATAGTATTAACTTTACCCAGCCCATACAGGAGTCAA 1380
QY 1381 AGCAACAACCAAAACCGTATAGGCGTTAATGAGGTAAGTTTACTAATATAGCAAAACA 1440
Db 1381 AGCAACAACCAAAACCGTATAGGCGTTAATGAGGTAAGTTTACTAATATAGCAAAACA 1440
QY 1441 ACAGCAGCAATCGCAGTACTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTCTCGAGATGCT 1500
Db 1441 ACAGCAGCAATCGCAGTACTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTCTCGAGATGCT 1500
QY 1501 GATGTTGATGAAAAACAAGCAGCATATTTGATTAATAAAACCACTTAAGTGGTGAAGT 1560
Db 1501 GATGTTGATGAAAAACAAGCAGCATATTTGATTAATAAAACCACTTAAGTGGTGAAGT 1560
QY 1561 GCAATTTACATAGACAAATGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
Db 1561 GCAATTTACATAGACAAATGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
QY 1621 GGTAGCAGTCTAAAGATGCGTGTACATCGAAGAGCTCAAGGCGCCAAAGCTTACTTTA 1680
Db 1621 GGTAGCAGTCTAAAGATGCGTGTACATCGAAGAGCTCAAGGCGCCAAAGCTTACTTTA 1680
QY 1681 AACGAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACCTTACTGAAATATACAGTGTGATGATGATGAT 1740
Db 1681 AACGAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACCTTACTGAAATATACAGTGTGATGATGATGAT 1740
QY 1741 AATGTTACCGGCGCCAACTTAAACATTTGGGCTGAAACCAACGAGGCTTAACAGGATGGC 1800
Db 1741 AATGTTACCGGCGCCAACTTAAACATTTGGGCTGAAACCAACGAGGCTTAACAGGATGGC 1800

1801 ACTAGTAAATTTAGTTAAGGGTAGTGTAGCAACAATAGCTTACTACCGCGAA 1860
1801 ACTAGTAAATTTAGTTAAGGGTAGTGTAGCAACAATAGCTTACTACCGCGAA 1860
1861 CATTGGCAGAGTATCTAATGAAGTCAATGACGGCTGACAGTGTCTTACAAAGCTTT 1920
1861 CATTGGCAGAGTATCTAATGAAGTCAATGACGGCTGACAGTGTCTTACAAAGCTTT 1920
1921 ACCGTTAAGAAGAGACGATGATGACGCAACGGCTATACCGCTGCTAAGATGACGA 1980
1921 ACCGTTAAGAAGAGACGATGATGACGCAACGGCTATACCGCTGCTAAGATGACGA 1980
1981 AAAAAAGCGCGCAGTCAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAGGCTTAAAGCTTGCCT 2040
1981 AAAAAAGCGCGCAGTCAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAGGCTTAAAGCTTGCCT 2040
2041 ACCAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
2041 ACCAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
2101 AAAAGCAGCCTTAACAGCAGTGGCTTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2160
2101 AAAAGCAGCCTTAACAGCAGTGGCTTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2160
2161 GGTGCTAATGCGATTAATTTACTAATGTGAATGTAATCCAGTACTGGCATTTGA 2220
2161 GGTGCTAATGCGATTAATTTACTAATGTGAATGTAATCCAGTACTGGCATTTGA 2220
2221 AATACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGCTGTGATGATGATGATGAT 2280
2221 AATACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGCTGTGATGATGATGATGAT 2280
2281 ACAACAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTACAAGTGGCAATGTTAAGATTACCAAC 2340
2281 ACAACAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTACAAGTGGCAATGTTAAGATTACCAAC 2340
2341 ACTGCGATTAACGAGGCTGTAAGAGCATCAGAGGCTGTCCCAACACTGCTTACAT 2400
2341 ACTGCGATTAACGAGGCTGTAAGAGCATCAGAGGCTGTCCCAACACTGCTTACAT 2400
2401 GCGGATCAAGATGAGCGGCAACATAGACCTGGGCAATCAATCCAAAGCAAAATCC 2460
2401 GCGGATCAAGATGAGCGGCAACATAGACCTGGGCAATCAATCCAAAGCAAAATCC 2460
2461 AACGCTGCGAGATTAATGATATTAATTAATGAGGCTTAACTTAAATTAATTAATCAAC 2520
2461 AACGCTGCGAGATTAATGATATTAATTAATGAGGCTTAACTTAAATTAATTAATCAAC 2520
2521 CCCATTGACTTGTCTCCACTTATGACATTTGACTTGGCAATGGCAATGGCAACAC 2580
2521 CCCATTGACTTGTCTCCACTTATGACATTTGACTTGGCAATGGCAATGGCAACAC 2580
2581 GGCACAGTAAACCATGATACCGCTTAAACAAACAGTAAAGTGTATGATGATGATGAT 2640
2581 GGCACAGTAAACCATGATACCGCTTAAACAAACAGTAAAGTGTATGATGATGATGAT 2640
2641 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2700
2641 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2700
2701 ACCAAAGTGAACAAACAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2760
2701 ACCAAAGTGAACAAACAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2760
2761 ACTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2820
2761 ACTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2820
2821 AAGGAAATTCACACCAAGGACAGAGACAGGCGCTTCAAACTTTACCGTTAA 2880
2821 AAGGAAATTCACACCAAGGACAGAGACAGGCGCTTCAAACTTTACCGTTAA 2880
2881 AAGGTAGATGAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2940

2881 AAGGTAGATGAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2940
2941 GCAAAATATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTATATTAATCAAC 3000
2941 GCAAAATATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTATATTAATCAAC 3000
3001 GACAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3060
3001 GACAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3060
3061 AGCACCCTTAACGAGCGGTGCTTGTATTAATAAACCCCACTGATGATGATGATGATGAT 3120
3061 AGCACCCTTAACGAGCGGTGCTTGTATTAATAAACCCCACTGATGATGATGATGATGAT 3120
3121 GTCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3180
3121 GTCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3180
3181 ATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3240
3181 ATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3240
3241 CTTGATTAAGCAAAAGCCCACTTAACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3300
3241 CTTGATTAAGCAAAAGCCCACTTAACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3300
3301 ACCAATTCATCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3360
3301 ACCAATTCATCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3360
3361 ATTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3420
3361 ATTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3420
3421 AACTCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3480
3421 AACTCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3480
3481 CTTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3540
3481 CTTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3540
3541 GGCATTACCAACCAAGTGAATTAAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3600
3541 GGCATTACCAACCAAGTGAATTAAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3600
3601 TTAACCAAGCTTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3660
3601 TTAACCAAGCTTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3660
3661 CAAAATGCTCAAAATACCATCAAGAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3720
3661 CAAAATGCTCAAAATACCATCAAGAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3720
3721 AAGGTAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3780
3721 AAGGTAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3780
3781 GCGGCGAGCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3840
3781 GCGGCGAGCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3840
3841 GTTGACTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGATGATGATGATGATGAT 3900
3841 GTTGACTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGATGATGATGATGATGAT 3900
3901 AAGGTAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3960
3901 AAGGTAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3960
3961 GATACACCAATTAAGTGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAAT 4020

Db 3961 GATACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAAAGTTGGCGTAAAAAACCCACCATGACCAGT 4020
Qy 4021 ACAGGACAGTGGTATTAATTAATTTGGCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTG 4080
Db 4021 ACAGGACAGTGGTATTAATTAATTTGGCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTG 4080
Qy 4081 AAGGCGAGTATATCGTTGGTCACTTAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAAA 4140
Db 4081 AAGGCGAGTATATCGTTGGTCACTTAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAAA 4140
Qy 4141 GGGGCAAGCCAGCAAGCAACCTCAGCAGGCTATGTGATGTGTGATGAAGTATC 4200
Db 4141 GGGGCAAGCCAGCAAGCAACCTCAGCAGGCTATGTGATGTGTGATGAAGTATC 4200
Qy 4201 TATGACAGTACCCGATTAACGATCTATCAAGCCAAAATGATGGCAGATGATAAAAAC 4260
Db 4201 TATGACAGTACCCGATTAACGATCTATCAAGCCAAAATGATGGCAGATGATAAAAAC 4260
Qy 4261 AAGAAAGTTGGCAAAAGCAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAAAGCCAGATGGCATTGGCT 4320
Db 4261 AAGAAAGTTGGCAAAAGCAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAAAGCCAGATGGCATTGGCT 4320
Qy 4321 CAATGATATGCAATATGATGATTAACAAGACAGTAAATGATGCCATATAAAAAGCAA 4380
Db 4321 CAATGATATGCAATATGATGATTAACAAGACAGTAAATGATGCCATATAAAAAGCAA 4380
Qy 4381 GGCATCAATGAMGACACAGCCCTTGTTAAGGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATTAACAA 4440
Db 4381 GGCATCAATGAMGACACAGCCCTTGTTAAGGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATTAACAA 4440
Qy 4441 ACCAAAAAGCGCGAGTAACTGTGGTGAATTAATGCGCTTGGCCAAACAGCGCTGACC 4500
Db 4441 ACCAAAAAGCGCGAGTAACTGTGGTGAATTAATGCGCTTGGCCAAACAGCGCTGACC 4500
Qy 4501 TTTCGAGAGGGGTTAAGGACACAAAGGCTAAAAAAGCTGGGCGAGATTTGACCATTAAGAGT 4560
Db 4501 TTTCGAGAGGGGTTAAGGACACAAAGGCTAAAAAAGCTGGGCGAGATTTGACCATTAAGAGT 4560
Qy 4561 GGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAAACGATTAATACATCGGTGTGTGAAGCAGTACTGAT 4620
Db 4561 GGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAAACGATTAATACATCGGTGTGTGAAGCAGTACTGAT 4620
Qy 4621 GGGCTTCACTGTCAAACTTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAAAGCAGGTGCG 4680
Db 4621 GGGCTTCACTGTCAAACTTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAAAGCAGGTGCG 4680
Qy 4681 ACCAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACCTCAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAAAC 4740
Db 4681 ACCAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACCTCAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAAAC 4740
Qy 4741 ACCCTGTGCTAACTGACCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTCAATCAGTAATGTGGGC 4800
Db 4741 ACCCTGTGCTAACTGACCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTCAATCAGTAATGTGGGC 4800
Qy 4801 AAAGGACAAAAGTACCAGCGCTGCCAATGTACAAACGTTAAACGAAGTACGCAACTTG 4860
Db 4801 AAAGGACAAAAGTACCAGCGCTGCCAATGTACAAACGTTAAACGAAGTACGCAACTTG 4860
Qy 4861 TTGGGTCTGGTAAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGGTAACATTTGCCGAC 4920
Db 4861 TTGGGTCTGGTAAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGGTAACATTTGCCGAC 4920
Qy 4921 ATCAAAAAAGACCAAAATTCAGTTCAATCTAAACGCACTGTCAATCAAAAGAGCGACG 4980
Db 4921 ATCAAAAAAGACCAAAATTCAGTTCAATCTAAACGCACTGTCAATCAAAAGAGCGACG 4980
Qy 4981 GTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATATCCGAAAAAATTTGCACGTGGTATCAAAAGT 5040
Db 4981 GTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATATCCGAAAAAATTTGCACGTGGTATCAAAAGT 5040
Qy 5041 GGGGTGATTAAGACGCGCAAGCTAAAGGCGATTAAGCGATGTTTGGGTCAAAAGCCAA 5100
Db 5041 GGGGTGATTAAGACGCGCAAGCTAAAGGCGATTAAGCGATGTTTGGGTCAAAAGCCAA 5100

Qy 5101 AAAGTGGACGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAACGCCGAGGTGACAGCAACTAT 5160
Db 5101 AAAGTGGACGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAACGCCGAGGTGACAGCAACTAT 5160
Qy 5161 TTGACCAACAAACCCGCAAGAGCCATTGACAGATAAATGACAAAGTATCCGCTTCTTC 5220
Db 5161 TTGACCAACAAACCCGCAAGAGCCATTGACAGATAAATGACAAAGTATCCGCTTCTTC 5220
Qy 5221 CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCGTGTGTACAAAGGCGTAAAGGCGATTAAGT 5280
Db 5221 CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCGTGTGTACAAAGGCGTAAAGGCGATTAAGT 5280
Qy 5281 GCGTCAAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGATGGTGAAGCCGCC 5340
Db 5281 GCGTCAAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGATGGTGAAGCCGCC 5340
Qy 5341 GTTGCCATAGGCAAGCAAAACCCAGAGCAACCAATTCATCCGATCGGTGATTAACGCA 5400
Db 5341 GTTGCCATAGGCAAGCAAAACCCAGAGCAACCAATTCATCCGATCGGTGATTAACGCA 5400
Qy 5401 CAAGCCAGGGCGATCAATCCATGCGCATGGTACAGCAATGGTGAAGGTAAGCAC 5460
Db 5401 CAAGCCAGGGCGATCAATCCATGCGCATGGTACAGCAATGGTGAAGGTAAGCAC 5460
Qy 5461 TCTGTGCTCATCGGCGAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTATGAGTAAAT 5520
Db 5461 TCTGTGCTCATCGGCGAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTATGAGTAAAT 5520
Qy 5521 AACCAACGATTTACCGATGGCAGTCAAAACGATGCTTTGGTGTGGGCAATACATACC 5580
Db 5521 AACCAACGATTTACCGATGGCAGTCAAAACGATGCTTTGGTGTGGGCAATACATACC 5580
Qy 5581 GTGACGCAAAAGTAACTGCTGTTAGTTCGCAACTCTGCATCAGTGCAGGCAACAC 5640
Db 5581 GTGACGCAAAAGTAACTGCTGTTAGTTCGCAACTCTGCATCAGTGCAGGCAACAC 5640
Qy 5641 GCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGCGACAGCAGTACACACACACAGCAGGTGCA 5700
Db 5641 GCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGCGACAGCAGTACACACACACAGCAGGTGCA 5700
Qy 5701 ACCGTTACGGTTAAAGGCTTGTGCGAACAAGCGGCTGGTGGTCCGCTCGGTGGTGGC 5760
Db 5701 ACCGTTACGGTTAAAGGCTTGTGCGAACAAGCGGCTGGTGGTCCGCTCGGTGGTGGC 5760
Qy 5761 TCAAGTGTGTAAGCCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTGCACCAAGCAC 5820
Db 5761 TCAAGTGTGTAAGCCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTGCACCAAGCAC 5820
Qy 5821 GATCGGCTCAATGTTAGCAGTGTGTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAACGCAACAT 5880
Db 5821 GATCGGCTCAATGTTAGCAGTGTGTGTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAACGCAACAT 5880
Qy 5881 GAGCTTGACCATGCTGATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCAAGGATTTCTACGCG 5940
Db 5881 GAGCTTGACCATGCTGATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCAAGGATTTCTACGCG 5940
Qy 5941 ATGGCGATGGCGCTCATGCCCAAGCCTTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT 6000
Db 5941 ATGGCGATGGCGCTCATGCCCAAGCCTTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT 6000
Qy 6001 ATTGCAACCCCAACAGGTCAGAGGTGCGGTGCGCAATGGGCACTGTGGAAGCTGTGCGATAT 6060
Db 6001 ATTGCAACCCCAACAGGTCAGAGGTGCGGTGCGCAATGGGCACTGTGGAAGCTGTGCGATAT 6060
Qy 6061 GGTCAATGGGTAAATTAATGATGTTCAAGCGATTAACCAAGGCAATGTAGGGGGGCA 6120
Db 6061 GGTCAATGGGTAAATTAATGATGTTCAAGCGATTAACCAAGGCAATGTAGGGGGGCA 6120
Qy 6121 GTTGCTGAGGTTTTCACCTTT 6141
Db 6121 GTTGCTGAGGTTTTCACCTTT 6141

RESULT 2
ID AAF59102 standard: DNA: 6972 BP.
XX AAF59102;
XX 24-APR-2001 (first entry)
XX M. catarrhalis strain 4223 genomic 200kda gene SEQ ID NO:5.
XX
XX Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;
KM 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
XX otitis media; detection; ds.
XX Moraxella catarrhalis.
XX WO200107619-A1.
XX 01-FEB-2001.
XX 26-JUL-2000; 2000WO-CA00870.
XX 27-JUL-1999; 99US-0361619.
XX (CONN-) CONNNUGHT LAB LTD.
XX Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX WPI: 2001-159722/16.
XX P-PSDB; AAB69134.
XX New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
PT useful in protective vaccines and for diagnosis -
XX
XX Claim 1; Fig 3A-W; 247bp; English.
XX
XX The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis strain 4223 genomic 200kda gene, which is given in the
CC exemplification of the present invention.
XX
XX Sequence 6972 BP; 2265 A; 1555 C; 1532 G; 1620 T; 0 other;
SQ
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 22; Length 6972;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGATCACATCTATTAAGTCACTTTAAACAAGCCACAGGCACTTTATGGCAGTGGCA 60
DB 542 ATGATCACATCTATTAAGTCACTTTAAACAAGCCACAGGCACTTTATGGCAGTGGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 661
QY 121 GATGACACTGTGAGCTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGATCGGTGCAAG 180
DB 662 GATGACACTGTGAGCTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGATCGGTGCAAG 721
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAACATATCGCAATTTGGTGAACA 240
|||||

DB 722 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAACATATCGCAATTTGGTGAACA 781
QY 241 AACACGCCAAGACGCTACAGGCACTGCCAAGGGCGGTGATGAGCAGTCTTATGGT 300
DB 782 AACACGCCAAGACGCTACAGGCACTGCCAAGGGCGGTGATGAGCAGTCTTATGGT 841
QY 301 GAAATGCTAACGACAGGGCGGTCAAGCCATGCGCATGGTGTATATAAACTGTC 360
DB 842 GAAATGCTAACGACAGGGCGGTCAAGCCATGCGCATGGTGTATATAAACTGTC 901
QY 361 AATGAAGCATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCCATCGCATC 420
DB 902 AATGAAGCATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCCATCGCATC 961
QY 421 GGTGTGATGTAAGGCTGTGTGATGGCTGATGGCATGGTGTGATGATACAT 480
DB 962 GGTGTGATGTAAGGCTGTGTGATGGCTGATGGCATGGTGTGATGATACAT 1021
QY 481 TTGCTTGATCAGCATGGTATCTTAAACATCCGAAGGTACTGTGATTAAGATCTTAT 540
DB 1022 TTGCTTGATCAGCATGGTATCTTAAACATCCGAAGGTACTGTGATTAAGATCTTAT 1081
QY 541 AACGCCATGCACTATTAAGAAATACGAGCTCAAGAGATTAAGTAAATATAGA 600
DB 1082 AACGCCATGCACTATTAAGAAATACGAGCTCAAGAGATTAAGTAAATATAGA 1141
QY 601 CGCACAACCGCAGCGGACACGCGCAGTACTGCGTGGGACCATGTCATATGACAGGGT 660
DB 1142 CGCACAACCGCAGCGGACACGCGCAGTACTGCGTGGGACCATGTCATATGACAGGGT 1201
QY 661 CATTTTCCAAACGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGTCCATTTCTTGGCAGTG 720
DB 1202 CATTTTCCAAACGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGTCCATTTCTTGGCAGTG 1261
QY 721 GGTCTTGGCCGACACAGCCGAGGGCAATCTACAAATGCTATTTGGTCTGATCAACATCT 780
DB 1262 GGTCTTGGCCGACACAGCCGAGGGCAATCTACAAATGCTATTTGGTCTGATCAACATCT 1321
QY 781 AGCTGTGGGACGATAGCCCTTGGGACGATGCTGCTGACGATGACAGGCGAGTAT 840
DB 1322 AGCTGTGGGACGATAGCCCTTGGGACGATGCTGCTGACGATGACAGGCGAGTAT 1381
QY 841 GCCCTAGGTCAGAGTCTGTTGCTACCTACAGAGTATTAATTTCTAGACCAGGCTATACA 900
DB 1382 GCCCTAGGTCAGAGTCTGTTGCTACCTACAGAGTATTAATTTCTAGACCAGGCTATACA 1441
QY 901 CCAAAATACCAAGCAGCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGGGGTCCA 960
DB 1442 CCAAAATACCAAGCAGCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGGGGTCCA 1501
QY 961 CTTTCCATTTGGTATGATCTATCAAAACGTAATATCAATGCTGCGGTGAGGTATAT 1020
DB 1502 CTTTCCATTTGGTATGATCTATCAAAACGTAATATCAATGCTGCGGTGAGGTATAT 1561
QY 1021 AAAACCGATGCGTCAATGTGGCAGACCTAGAAAGCGGTGTGTAAGTGGCTAAGAGACGT 1080
DB 1562 AAAACCGATGCGTCAATGTGGCAGACCTAGAAAGCGGTGTGTAAGTGGCTAAGAGACGT 1621
QY 1081 AGAATTAATTTTCAAGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATAGTTGGATATACT 1140
DB 1622 AGAATTAATTTTCAAGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATAGTTGGATATACT 1681
QY 1141 TTAACATTTAAGAGTGTGAGAGACCAAGCATTAACGATTAATATATCGGTGTGTA 1200
DB 1682 TTAACATTTAAGAGTGTGAGAGACCAAGCATTAACGATTAATATATCGGTGTGTA 1741
QY 1201 AAAGAGGCTGATATAGTGTCTGAAGATTAACCTTCTAAACTTTAAACAATCTTACT 1260
DB 1742 AAAGAGGCTGATATAGTGTCTGAAGATTAACCTTCTAAACTTTAAACAATCTTACT 1801
QY 1261 GAGGTGAATACACTATTAATATGACCAACACAGCTTAAGTAGTACTAGTACT 1320
DB 1802 GAGGTGAATACACTATTAATATGACCAACACAGCTTAAGTAGTACTAGTACT 1861
|||||

Qy	1321	ACTACAGCGAATTAATTAATGATAGATTAACTTTACCTTTACCCAGCCCAATACAGCACTGCA	1380
Db	1862	ACTGATGCGAATTAATTAATGATAGATTAACTTTACCTTTACCCAGCCCAATACAGCACTGCA	1921
Qy	1381	AGCACAAGCAAAACGCTCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTATATAATGAGAAACA	1440
Db	1922	AGCACAAGCAAAACGCTCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTATATAATGAGAAACA	1981
Qy	1441	ACAGACGATCGGCACCTACGCTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGGCTGAGATGGT	1500
Db	1982	ACAGACGATCGGCACCTACGCTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGGCTGAGATGGT	2041
Qy	1501	GATGTTGATGAAAAACCAACCACTATTTGGATAAAAACAATTAAAGGGGTAGAGTT	1560
Db	2042	GATGTTGATGAAAAACCAACCACTATTTGGATAAAAACAATTAAAGGGGTAGAGTT	2101
Qy	1561	GCAATTTACCATAGACAAATGGCATTTGATGCAAGGTAAATAAAAAGATCAATCTTTGCCAA	1620
Db	2102	GCAATTTACCATAGACAAATGGCATTTGATGCAAGGTAAATAAAAAGATCAATCTTTGCCAA	2161
Qy	1621	GGTACGAGTGTACGATGCGGTACCATTCGAACAGCTCAAGCCGCCAAGCCTACTTTA	1680
Db	2162	GGTACGAGTGTACGATGCGGTACCATTCGAACAGCTCAAGCCGCCAAGCCTACTTTA	2221
Qy	1681	AACGAGGCGGTGCGCATCGATGTCACACCTACTAGAAATATCAATTATGCTAGAGTGGC	1740
Db	2222	AACGAGGCGGTGCGCATCGATGTCACACCTACTAGAAATATCAATTATGCTAGAGTGGC	2281
Qy	1741	AATGTTACCGCCCCAATTCACAACTTTGGCGGTGAAAAACCAACGAGCTTAAACAGTATGGC	1800
Db	2282	AATGTTACCGCCCCAATTCACAACTTTGGCGGTGAAAAACCAACGAGCTTAAACAGTATGGC	2341
Qy	1801	ACTAGGATAAATTAATTAATGATTAAGGTAGTGGTACGACAAATAGCTTAGTACCAGCGAA	1860
Db	2342	ACTAGGATAAATTAATTAATGATTAAGGTAGTGGTACGACAAATAGCTTAGTACCAGCGAA	2401
Qy	1861	CATTTGGCAACGCTATCTAATGATGAATGCAATCGAACGCGTGCACAGTCTCTACAAACCTTT	1920
Db	2402	CATTTGGCAACGCTATCTAATGATGAATGCAATCGAACGCGTGCACAGTCTCTACAAACCTTT	2461
Qy	1921	ACCGTTAAAGAAAGACGATGATGACGCCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATACGACA	1980
Db	2462	ACCGTTAAAGAAAGACGATGATGACGCCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATACGACA	2521
Qy	1981	AAAAATGCGCGGCGACGTGCAATCTTAAACCTCAAGGTAAAAAGCGTCTAACGGTTGCT	2040
Db	2522	AAAAATGCGCGGCGACGTGCAATCTTAAACCTCAAGGTAAAAAGCGTCTAACGGTTGCT	2581
Qy	2041	ACCAAAAAAGATGATGACGCTTACCTTTGGCTTAGCCAAAGATAGCGGTGACCATTTGGC	2100
Db	2582	ACCAAAAAAGATGATGACGCTTACCTTTGGCTTAGCCAAAGATAGCGGTGACCATTTGGC	2641
Qy	2101	AAAAGCACCCTTAACACAGATGGCTTGACTTTAAAGATACCAACAGACAAATCCAAATC	2160
Db	2642	AAAAGCACCCTTAACACAGATGGCTTGACTTTAAAGATACCAACAGACAAATCCAAATC	2701
Qy	2161	GSTGCTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2220
Db	2702	GSTGCTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2761
Qy	2221	AATACCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2280
Db	2762	AATACCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2821
Qy	2281	ACAAACAAACCTTAATCTTGATCAAGACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2340
Db	2822	ACAAACAAACCTTAATCTTGATCAAGACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2881
Qy	2341	ACTGCAATTAACGACGATGCTTAAGGATACACAGGCTGTCCCAACACTGCTTACGATTT	2400
Db	2882	ACTGCAATTAACGACGATGCTTAAGGATACACAGGCTGTCCCAACACTGCTTACGATTT	2941

QY	2401	GCATNTCAAGTACC	GGCACAATGAACTGGGCAATACAACTCCAGACAAAGACAAATCC	2460
Db	2942	GCCGATCAAGTAC	CGCGCAACATGAACTGGGCAATACATCCAAAGACAAATCC	3001
QY	2461	AACGCTGCAGCATTA	TGATATATTTAAATACAGGCTTTAACCTAAAAAATATACAC	2520
Db	3002	AACGGTGACAGCATTA	TATGATATATTTAAATACAGGCTTTAACCTAAAAAATATACAC	3061
QY	2521	CCCATTGACTTTGCT	CGACTTATGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGGCACACC	2580
Db	3062	CCCATTGACTTTGCT	CGACTTATGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGGCACACC	3121
QY	2581	GCCACAGTAACCC	TGATGTATCCGCTTAACAAACACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGTG	2640
Db	3122	GCCACAGTAACCC	TGATGTATCCGCTTAACAAACACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGTG	3181
QY	2641	GATGATACACCAT	TTCATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAACCTTGGCGTCAAAAC	2700
Db	3182	GATGATACACCAT	TTCATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAACCTTGGCGTCAAAAC	3241
QY	2701	ACCAACGTGAACAA	AACAGTGGTAAATATACGCAACATCTTAACCTTTAATGTTAACT	2760
Db	3242	ACCAACGTGAACAA	AACAGTGGTAAATATACGCAACATCTTAACCTTTAATGTTAACT	3301
QY	2761	AGTATGAGATG	CGCTTGTTTAAAGCCCAAGACATCGCCGAATCTAAGACCCCTAGCC	2820
Db	3302	AGTATGAGATG	CGCTTGTTTAAAGCCCAAGACATCGCCGAATCTAAGACCCCTAGCC	3361
QY	2821	AAGGAATATCACA	CCACCAAGGACAGACAGACCCGCCCTCAAAACCTTTACGTTTAA	2880
Db	3362	AAGGAATATCACA	CCACCAAGGACAGACAGACCCGCCCTCAAAACCTTTACGTTTAA	3421
QY	2881	AAGGTAGATGAA	TAATTAATGTCTGATGAGCCCAAGCCATCACCGTGGGTCAAAAGAC	2940
Db	3422	AAGGTAGATGAA	TAATTAATGTCTGATGAGCCCAAGCCATCACCGTGGGTCAAAAGAC	3481
QY	2941	GCAATATATCAAG	TACACACCCTTAACAGTGAAGAAAGGCTTATATTTAAACC	3000
Db	3482	GCAATATATCAAG	TACACACCCTTAACAGTGAAGAAAGGCTTATATTTAAACC	3541
QY	3001	GACAAAATGGTAC	GTTTACCTTTGGCATTTAACACACAGCGGCTTTAAAGCCGGCA	3060
Db	3542	GACAAAATGGTAC	GTTTACCTTTGGCATTTAACACACAGCGGCTTTAAAGCCGGCA	3601
QY	3061	AGCACCCCTAAG	CAGCGGTGCTATTTAAAMCCCATGTGATAGCGAACAAATCCA	3120
Db	3602	AGCACCCCTAAG	CAGCGGTGCTATTTAAAMCCCATGTGATAGCGAACAAATCCA	3661
QY	3121	GTCGGTGTGATG	CGCGAAGTTGGCAAGGTTAATTAATATGATGTGTGAGGTGCGC	3180
Db	3662	GTCGGTGTGATG	CGCGAAGTTGGCAAGGTTAATTAATATGATGTGTGAGGTGCGC	3721
QY	3181	ATTGATGGCAC	AACTGCTATTACACAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGACATATGGCTCA	3240
Db	3722	ATTGATGGCAC	AACTGCTATTACACAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGACATATGGCTCA	3781
QY	3241	CTTGATTAAGCA	ACCCCACTTAAGCAAGACGGCATTTACGCAAGGTGTGTAAAAGATT	3300
Db	3782	CTTGATTAAGCA	ACCCCACTTAAGCAAGACGGCATTTACGCAAGGTGTGTAAAAGATT	3841
QY	3301	ACCAACATTCAT	AGTGTGATTTGCCCAAAACAGCATGATGCTGTACAGCGGGCAAG	3360
Db	3842	ACCAACATTCAT	AGTGTGATTTGCCCAAAACAGCATGATGCTGTGTACAGCGGGCAAG	3901
QY	3361	ATTTATGATTTAA	AAACCGAATCTTGCAATCTGACGATCTTGCCAAACACGACAA	3420
Db	3902	ATTTATGATTTAA	AAACCGAATCTTGCAATCTGACGATCTTGCCAAACACGACAA	3961
QY	3421	AACGATATACCG	AATTCAGTAGAGCAAGTAATTAATACCTTAACGCTTAAGTAACT	3480
Db	3962	AACGATATACCG	AATTCAGTAGAGCAAGTAATTAATACCTTAACGCTTAAGTAACT	4021
QY	3481	CTTTACTACAGT	ATATGACACCTCAAGACCTCTGATGTGCATACCTTTGACGGTGAAC	3540

D	b	4022	CCTTACTCCAGTTATGACACCTTAAAGACCTCTGATGTATATACCTTTGACAGTTAAAC	4081
O	y	3541	GGCATTCACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGTCGTGTGGCATTGACCAACCAAGGC	3600
D	b	4082	GGCATTTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGTCGTGTGGCATTGACCAACCAAGGC	4141
O	y	3601	TTTACCCAGCGCTAAGCGACCGGTGGGTAAATTAATGCGAAGGCAATGTCTATTGACAGC	3660
D	b	4142	TTTAAACCAAGCGCTAAGCGACCGGTGGGTAAATTAATGCGAAGGCAATGTCTATTGACAGC	4201
O	y	3661	CAAAATGCTCAAAATATACATCACAGCACTTACGACACTCTGCTAAATGTTACCAATGAT	3720
D	b	4202	CAAAATGCTCAAAATATACATCACAGCACTTACGACACTCTGCTAAATGTTACCAATGAT	4261
O	y	3721	AAAGGTAGCGTACGCACCCACAGAACAGGGCATATATATCAAAAGCAAGACAAACCCGT	3780
D	b	4262	AAAGGTAGCGTACGCACCCACAGAACAGGGCATATATATCAAAAGCAAGACAAACCCGT	4321
O	y	3781	GCCCCAGCAATGTTGATGTGTGCTATACGCGCGGCTTTAACTTCAAGGCAATGTTAAACG	3840
D	b	4322	GCCCCAGCAATGTTGATGTGTGCTATACGCGCGGCTTTAACTTCAAGGCAATGTTAAACG	4381
O	y	3841	GTTGACTTTGTCTCCACTATATGACACCGTCAACTTTCGGATGGCAATGCCACACGCT	3900
D	b	4382	GTTGACTTTGTCTCCACTATATGACACCGTCAACTTTCGGATGGCAATGCCACACGCT	4441
O	y	3901	AAAGTGACCTATATGACACCAACCAACACAGTAAAGTGGCTATGATGTCAATGTGAT	3960
D	b	4442	AAAGTGACCTATATGACACCAACCAACACAGTAAAGTGGCTATGATGTCAATGTGAT	4501
O	y	3961	GATTCACACCAATTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCTAAAAACCAACACATTGACAGT	4020
D	b	4502	GATTCACACCAATTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCTAAAAACCAACACATTGACAGT	4561
O	y	4021	ACTGCGACAGGTGCTATTAATTAATTTGCCCTTACGCAATCAAGCTACTGCGGATGCGTTGTC	4080
D	b	4562	ACTGCGACAGGTGCTATTAATTAATTTGCCCTTACGCAATCAAGCTACTGCGGATGCGTTGTC	4621
O	y	4081	AAGGCCAGTATATCGTGTCTCATCTTAAACACCTTATCGGGAGCATCCAAATCCCAA	4140
D	b	4622	AAGGCCAGTATATCGTGTCTCATCTTAAACACCTTATCGGGAGCATCCAAATCCCAA	4681
O	y	4141	GGGCGAAGCCAAAGGAACAATCAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAATC	4200
D	b	4682	GGGCGAAGCCAAAGGAACAATCAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAATC	4741
O	y	4201	TATACAGTATCCGATTAACAAGTCTATCAAGCCAAATAAGATGAGCAAGTGTGATTAAC	4260
D	b	4742	TATACAGTATCCGATTAACAAGTCTATCAAGCCAAATAAGATGAGCAAGTGTGATTAAC	4801
O	y	4261	AAAGAGTTGCCAAAGCAAACTGTGTGCGCCAAAGCCCAACCCCAAGATGGCATTGGCT	4320
D	b	4802	AAAGAGTTGCCAAAGCAAACTGTGTGCGCCAAAGCCCAACCCCAAGATGGCATTGGCT	4861
O	y	4321	CAAAATGAAATGTCAAATATAGTCATTAAACAAAGAACAGTAAATGATGCCAATTAAGACAA	4380
D	b	4862	CAAAATGAAATGTCAAATATAGTCATTAAACAAAGAACAGTAAATGATGCCAATTAAGACAA	4921
O	y	4381	GGCATTCATGAAGCAACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAAAAGCGGCTTCTATTAACAA	4440
D	b	4922	GGCATTCATGAAGCAACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAAAAGCGGCTTCTATTAACAA	4981
O	y	4441	ACCAAAAACGCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACACCGCTGAC	4500
D	b	4982	ACCAAAAACGCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACACCGCTGAC	5041
O	y	4501	TTTGACAGGGATACAGGCAACAAGGGTAAAAAACTGGGAGACATTTGACACATCAAAAGT	4560
D	b	5042	TTTGACAGGGATACAGGCAACAAGGGTAAAAAACTGGGAGACATTTGACACATCAAAAGT	5101
O	y	4561	GGGCAACAGACACCAATTAAGCTTAACGATTAATCAATCGGTGTGGTACAGTCTCAT	4620

Db	5102	GGGCAACAGACACCAATTAACCTAATTAACATCGGTGGTATGACAGGTACTGAT	5161
Qy	4621	GGCTTCACTGTCAACCTTGCCAAAGACCTTAACAATCTTAAACAGCGTTAATGACAGTGGC	4680
Db	5162	GGCTTCACTGTCAACCTTGCCAAAGACCTTAACAATCTTAAACAGCGTTAATGACAGTGGC	5221
Qy	4681	ACCAAAATGTATGCAAAAGGGGTCTTTTBTATACATCAACGGTCAAGGCCAAAGCAAC	4740
Db	5222	ACCAAAATGTATGCAAAAGGGGTCTTTTBTATACATCAACGGTCAAGGCCAAAGCAAC	5281
Qy	4741	ACCCGTGTCTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCAGTAATGTGGC	4800
Db	5282	ACCCGTGTCTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCAGTAATGTGGC	5341
Qy	4801	AAAGGCACAAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAATACGCACTTG	4860
Db	5342	AAAGGCACAAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAATACGCACTTG	5401
Qy	4861	TTGGGTCTTGGTAATGCTGGTAATGATTAAGCTGACGGCATTACAGTAAGCAATGGCCAC	4920
Db	5402	TTGGGTCTTGGTAATGCTGGTAATGATTAAGCTGACGGCATTACAGTAAGCAATGGCCAC	5461
Qy	4921	ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCTATAACGCGACTGTATCAAGACGACG	4980
Db	5462	ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCTATAACGCGACTGTATCAAGACGACG	5521
Qy	4981	GTACTTGGCGGTAAAGGTAATACGATACCGAAAAACCTGGCACTGGTGGTATCAAGTG	5040
Db	5522	GTACTTGGCGGTAAAGGTAATACGATACCGAAAAACCTGGCACTGGTGGTATCAAGTG	5581
Qy	5041	GGCGTGTATTAAGACGGCGACGCTACACGGCGCATTTTAAGCATGTTTGGGTCAAAACCAA	5100
Db	5582	GGCGTGTATTAAGACGGCGACGCTACACGGCGCATTTTAAGCATGTTTGGGTCAAAACCAA	5641
Qy	5101	AAAGTGGCGACAAAAAAGCCCTGCTGGCCATTATACGCGCGAGGTCAAGCACTAT	5160
Db	5642	AAAGTGGCGACAAAAAAGCCCTGCTGGCCATTATACGCGCGAGGTCAAGCACTAT	5701
Qy	5161	TTGACCAACAACCCCGCAGAGACCATTGACAGTAATGAATGAACAAAGTATCGCTTCTTC	5220
Db	5702	TTGACCAACAACCCCGCAGAGACCATTGACAGTAATGAATGAACAAAGTATCGCTTCTTC	5761
Qy	5221	CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCTGTGTACAGGGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGT	5280
Db	5762	CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCTGTGTGTACAGGGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGT	5821
Qy	5281	GGCTTAGGCAAGCACTCAGTGGCGATGAGTTTCCAGGCGAAGGAGTGGTGAAGCCGCC	5340
Db	5822	GGCTTAGGCAAGCACTCAGTGGCGATGAGTTTCCAGGCGAAGGAGTGGTGAAGCCGCC	5881
Qy	5341	GTTCGCATTAAGCAGACAAACCCCAAGCAGGCAACCAATCTACATCGCATCGGTATACGCA	5400
Db	5882	GTTCGCATTAAGCAGACAAACCCCAAGCAGGCAACCAATCTACATCGCATCGGTATACGCA	5941
Qy	5401	CAGGCAACGGGCGATCAATTCATCGGCTACGAGCAATGTGGTATGACAGGTATACAC	5460
Db	5942	CAGGCAACGGGCGATCAATTCATCGGCTACGAGCAATGTGGTATGACAGGTATACAC	6001
Qy	5461	TCTGTGTCATTCGGCGAGCCCAAGCACTTTTAAGCTGCTAATACATTTACAGTGTGGTAAT	5520
Db	6002	TCTGTGTCATTCGGCGAGCCCAAGCACTTTTAAGCTGCTAATACATTTACAGTGTGGTAAT	6061
Qy	5521	AAACAACGATTTACCGATGCCACTCAAAACGATGTCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC	5580
Db	6062	AAACAACGATTTACCGATGCCACTCAAAACGATGTCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC	6121
Qy	5581	GTGACCGAAAGTAATCTGGTGGCTTATAGTTCAAACTCTGCATCAAGCAGGCAACAC	5640
Db	6122	GTGACCGAAAGTAATCTGGTGGCTTATAGTTCAAACTCTGCATCAAGCAGGCAACAC	6181
Qy	5641	GCAGGCACACAAAGCCAAAAAATCTGACGGCACACAGGTATCAACACACACAGCAGGTGCA	5700
Db	6182	GCAGGCACACAAAGCCAAAAAATCTGACGGCACACAGGTATCAACACACACAGCAGGTGCA	6241

Qy	5701	ACCGGTAACGGTTAAAGCCTTGGTGGACAAACGGGGGTTGGTGGCGTCCGCGGGATGCC	5760
Dp	6242	ACCGGTAACGGTTAAAGCCTTGGTGGACAAACGGGGGTTGGTGGCGTCCGCGGGATGCC	6301
Qy	5761	TCAGGTAAGCAGCCCTATATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCAAGTCCAGCAGCACC	5820
Dp	6302	TCAGGTAAGCAGCCCTATATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCAAGTCCAGCAGCACC	6361
Qy	5821	GATCGGTCATGGTATGCCAGTGTACAAAGCCACCCAAAGATGGTCCAAAGCAACCAAT	5880
Dp	6362	GATCGGTCATGGTATGCCAGTGTACAAAGCCACCCAAAGATGGTCCAAAGCAACCAAT	6421
Qy	5881	GAGCTTGACATCGTATATCCACCAAAAGCAAAATAAAGCCCAATGACAGGATTTTCATCACG	5940
Dp	6422	GAGCTTGACATCGTATATCCACCAAAAGCAAAATAAAGCCCAATGACAGGATTTTCATCACG	6481
Qy	5941	ATGGGATGGCCGTCATGCCACAAAGCCTTACTTCTGGCAGATCCATGGTTACCGGGGGT	6000
Dp	6482	ATGGGATGGCCGTCATGCCACCAAGCCTTACTTCTGGGAGATCCATGGTTACCGGGGGT	6541
Qy	6001	ATTGGCACCCCAACAGGTCAAAGGTCGGCGTGGCAGTGGAGCTGCGAAGCTGTCGGATAT	6060
Dp	6542	ATTGGCACCCCAACAGGTCAAAGGTCGGCGTGGCAGTGGAGCTGCGAAGCTGTCGGATAT	6601
Qy	6061	GGTCATAGGGTATTTAAATCAATGATTGACGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGCGGCA	6120
Dp	6602	GGTCATAGGGTATTTAAATCAATGATTGACGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGCGGCA	6661
Qy	6121	GTTGGTGCAGGTTTTCACATT 6141	
Dp	6662	GTTGGTGCAGGTTTTCACATT 6682	

XX	RESULT 3
XX	AAT38740
XX	ID AAT38740 standard; DNA; 6971 BP.
XX	AC
XX	AAT38740;
XX	DT 25-JAN-1997 (first entry)
XX	DE Moraxella outer membrane protein gene.
XX	KW Outer membrane protein; OMP; Immunogen; vaccine; otitis media;
KW	diagnosis; ss.
OS	Mycobacterium catarrhalis strain 4223.
XX	XX
FH	Key Location/Qualifiers
FT	CDS 706..6684
FT	/tag= a
XX	XX
PN	WO9634960-A1.
XX	XX
PD	07-NOV-1996.
XX	XX
PF	29-APR-1996; 96WC-CA00264.
XX	XX
PR	26-MAR-1996; 96US-0621944.
PR	01-MAY-1995; 95US-0431718.
PR	07-JUN-1995; 95US-0478370.
XX	XX
PA	(CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX	XX
PI	Chong P, Harkness RE, Klein MH, Loosmore SM, Sasaki K;
XX	XX
DR	WPI: 1996-506162/50.
DR	P-PDB; AAW04505.
XX	XX
PT	Moraxella outer membrane protein - useful as immunogen in protective
PT	vaccine and for diagnosis
XX	XX

P5	Claim 1; Fig 6; 109pp; English.
XX	
CC	A genomic DNA fragment (T38740) of Moraxella catarrhalis otitis
CC	media strain 4223 includes the coding region for a 1992 amino
CC	acid protein (W04505) identified as an approx. 200 kDa outer
CC	membrane protein (OMP). The DNA was isolated from a strain 4223
CC	genomic library in phage lambda EMBL3 by screening with an
CC	anti-200 kDa protein guinea pig antiserum. The gene can be
CC	used for the recombinant expression of the OMP (for use in
CC	vaccines), for the prepn. of hybridisation probes or may be
CC	incorporated into a live vector for use in direct immunisation.
XX	
SQ	Sequence 6971 BP; 2265 A; 1553 C; 1533 G; 1620 T; 0 other;
	Query Match 99.8%; Score 6130; DB 17; Length 6971;
	Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
	Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1
OY	1 ATGAATCATCTATTAAAGTCATCTTTTAACAAGCCACAGGCACATTATGCGAGTGCGCA 60
DB	540 ATGAATCATCATCTATAAATCTATCTTTTAAACAAAGCCACAGGCACATTATGCGAGTGCGCA 599
OY	61 GAGTAGGCCAATCCACAGGCAC-GGGGGGGGGGTACTGTGTACAGGGCAGATTGTGGCAG 119
DB	600 GAGTAGGCCAATCCACAGGCACGGGGGGGGGTACTGTGTGTACAGGGCAGATTGTGGCAG 659
OY	120 TGTATGCACTCTGAGGCTTTGCCGTAATTCGCCGGCTCGCTGTCTTCGTGATGGTGCAAC 179
DB	660 TGTATGCACTCTGAGGCTTTGCCGTAATTCGCCGGCTCGCTGTCTTCGTGATGGTGCAAC 719
OY	180 GCTCATGCGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGAATACCACAAATATGCGCAATTGGTGACAA 239
DB	720 GCTCATGCGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGAATACCACAAATATGCGCAATTGGTGACAA 779
OY	240 AAACACAGCAAAGACGCTCAGGGCACCTGCCAAGGCGGAGCGGTGATCGAGCCATTGCTATTGG 299
DB	780 AAACACAGCAAAGACGCTCAGGGCACCTGCCAAGGCGGAGCGGTGATCGAGCCATTGCTATTGG 839
OY	300 TGAANAATGCTAACGCGACAGGGCGGCTCAAGGCATTCGCCATTCGTAAGTAATAATAACTGT 359
DB	840 TGAANAATGCTAACGCGACAGGGCGGCTCAAGGCATTCGCCATTCGTAAGTAATAATAACTGT 899
OY	360 CAATGSAAGCAGTTTGATAGATAGATACCGATCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT 419
DB	900 CAATGSAAGCAGTTTGATAGATAGATACCGATCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT 959
OY	420 CGGTGATGATGTAAGGCTAAGTGCTGATGCTCGATTTGCCATGGGTAGTAGTAACCTTACA 479
DB	960 CGGTGATGATGTAAGGCTAAGTGCTGATGCTCGATTTGCCATGGGTAGTAGTAACCTTACA 1019
OY	480 TTGTGCTTGATCAGCATGCTGATCTTAAACATATCCGAAGAGTACTCTGTATTAACGATCTTAT 539
DB	1020 TTGTGCTTGATCAGCATGCTGATCTTAAACATATCCGAAGAGTACTCTGTATTAACGATCTTAT 1079
OY	540 TAACGGCCATGCAATATTAAGAATAATGCAAGCTCAAGGATTAATGATGTAATAATTTAG 599
DB	1080 TAACGGCCATGCAATATTAAGAATAATGCAAGCTCAAGGATTAATGATGTAATAATTTAG 1139
OY	600 ACCGACAAACCGCAAGGGACACCGCATCTACGAGTGGGAGCCATGTCATATGACACAGGG 659
DB	1140 ACCGACAAACCGCAAGGGACACCGCATCTACGAGTGGGAGCCATGTCATATGACACAGGG 1199
OY	660 TCATTTTTTCCACAGCCTTTTGTATACACGGGCAACGATTAAGTGCCATTTCTTGGCAGT 719
DB	1200 TCATTTTTTCCACAGCCTTTTGTATACACGGGCAACGATTAAGTGCCATTTCTTGGCAGT 1259
OY	720 GGGCTTTGGCCGCCACAGCCGGAAGGCCAATCTACAAATGGCATTTGGTTCTGATGGAACATC 779
DB	1260 GGGCTTTGGCCGCCACAGCCGGAAGGCCAATCTACAAATGGCATTTGGTTCTGATGGAACATC 1319
OY	780 TAGTTCGTTGGAGCAGTAAGACCTTTGGTGCAGTACTCGTCTACGTACAGGCGCAGTAT 839
DB	1320 TAGTTCGTTGGAGCAGTATAGCCCTTTGGTGCAGTACTCGTCTACGTACAGGCGCAGTAT 1379

QY 840 TGCCCTAGGTCAGAGTTCTGTTGTCACATGAGATGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC 899
 |||||
 Db 1380 TGCCCTAGGTCAGAGTTCTGTTGTCACATGAGATGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC 1439
 QY 900 ACCAAATACCGAGCCTAGAGCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACGAAGCGGGTCC 959
 |||||
 Db 1440 ACCAAATACCGAGCCTAGAGCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACGAAGCGGGTCC 1499
 QY 960 ACTTTCCATTGGTAGTAATCTCTATCAAGCTTAATATCATATGTGGGTGACAGTGTAA 1019
 |||||
 Db 1500 ACTTTCCATTGGTAGTAATCTCTATCAAGCTTAATATCATATGTGGGTGACAGTGTAA 1559
 QY 1020 TAAACCGATGCGGCTAATGTGACAGAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGAGCG 1079
 |||||
 Db 1560 TAAACCGATGCGGCTAATGTGACAGAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGAGCG 1619
 QY 1080 TAGAATTTACTTTTCAAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTTGGATTAAC 1139
 |||||
 Db 1620 TAGAATTTACTTTTCAAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTTGGATTAAC 1679
 QY 1140 TTTAACTATTAAAGGTGGTGACAGAGCCAAAGCATTAAACGATTAATATATCGGTGTGCT 1199
 |||||
 Db 1680 TTTAACTATTAAAGGTGGTGACAGAGCCAAAGCATTAAACGATTAATATATCGGTGTGCT 1239
 QY 1200 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGGCTAAACCTTTAAACAACTCTAC 1259
 |||||
 Db 1740 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGGCTAAACCTTTAAACAACTCTAC 1799
 QY 1260 TGAGGTGAATTAACATTAATTAATTAATCCAAACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAG 1319
 |||||
 Db 1800 TGAGGTGAATTAACATTAATTAATTAATCCAAACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAGTAGTAG 1859
 QY 1320 TGCTACAGTGAATTTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAG 1379
 |||||
 Db 1860 TGCTACAGTGAATTTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAG 1919
 QY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGTATGCGTGAATGCGTGAAGTTACTAATTAATACAGAAAC 1439
 |||||
 Db 1920 AAGCACAAGCAAAACCGTATGCGTGAATGCGTGAAGTTACTAATTAATACAGAAAC 1979
 QY 1440 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGCTATTAACAGAGATAAATGCGTTGCTGAGAGTAG 1499
 |||||
 Db 1980 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGCTATTAACAGAGATAAATGCGTTGCTGAGAGTAG 2039
 QY 1500 TGATGTTGAATGAACCAAGCACAATATTTGATTAACCAATTAATGAGTGGGTAGTGT 1559
 |||||
 Db 2040 TGATGTTGAATGAACCAAGCACAATATTTGATTAACCAATTAATGAGTGGGTAGTGT 2099
 QY 1560 TGCATTTACCATAGCAATGCGATTTGATGAGAGTAAATTAATTAATGAGTGGGTAGTGT 1619
 |||||
 Db 2100 TGCATTTACCATAGCAATGCGATTTGATGAGAGTAAATTAATTAATGAGTGGGTAGTGT 2159
 QY 1620 AGGTAGCAGTGTAAAGATGCGGTGTACCATGGAACAGCTCAAAAGCGGCCACTACTTT 1679
 |||||
 Db 2160 AGGTAGCAGTGTAAAGATGCGGTGTACCATGGAACAGCTCAAAAGCGGCCACTACTTT 2219
 QY 1680 AAACGAGGCGGTGCGATGCGTCAACCTACTGAAATTCAGTTGATCTAAGAGTGG 1739
 |||||
 Db 2220 AAACGAGGCGGTGCGATGCGTCAACCTACTGAAATTCAGTTGATCTAAGAGTGG 2279
 QY 1740 CAATGTTACCGCCCAACTACAAATTTGCGTGAAGAACACCGAGCTTAACAGTGTGG 1799
 |||||
 Db 2280 CAATGTTACCGCCCAACTACAAATTTGCGTGAAGAACACCGAGCTTAACAGTGTGG 2339
 QY 1800 CACTAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859
 |||||
 Db 2340 CACTAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2399
 QY 1860 ACATTTGGCAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGCGCTGACAGTGTCTACAAAGCTT 1919
 |||||
 Db 2400 ACATTTGGCAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGCGCTGACAGTGTCTACAAAGCTT 2459

QY 1920 TACCGTTAAAGAAAGACGATGATGACGCCAAAGCTATACCGTGGCTAAAGATACGAC 1979
 |||||
 Db 2460 TACCGTTAAAGAAAGACGATGATGATGACGCCAAAGCTATACCGTGGCTAAAGATACGAC 2519
 QY 1980 AAAAATGCGCGGCGAGTGCATCTTTAAAGCTCAAGGTTAAACCGGTCTAAAGGTTTC 2039
 |||||
 Db 2520 AAAAATGCGCGGCGAGTGCATCTTTAAAGCTCAAGGTTAAACCGGTCTAAAGGTTTC 2579
 QY 2040 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2099
 |||||
 Db 2580 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2639
 QY 2100 CAAGAAGACCTTAACCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2159
 |||||
 Db 2640 CAAGAAGACCTTAACCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2699
 QY 2160 CGGTGCTAATGCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2219
 |||||
 Db 2700 CGGTGCTAATGCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2759
 QY 2220 AAATACCGCTGCGATTTACAGAGATAAATTTGCTTGTGCTTGTGATGATGATGATGATGAT 2279
 |||||
 Db 2760 AAATACCGCTGCGATTTACAGAGATAAATTTGCTTGTGCTTGTGATGATGATGATGATGAT 2819
 QY 2280 TACAACCAAACTTATCTGATCAAGAGATAAATTTGCTTGTGCTTGTGATGATGATGATGATGAT 2339
 |||||
 Db 2820 TACAACCAAACTTATCTGATCAAGAGATAAATTTGCTTGTGCTTGTGATGATGATGATGATGAT 2879
 QY 2340 CACTGCGATTAACGAGGTGTAAAGCATTACAGAGGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2399
 |||||
 Db 2880 CACTGCGATTAACGAGGTGTAAAGCATTACAGAGGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2439
 QY 2400 TGCGGATCAAGATGACCGCAACATAGACGAGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 2459
 |||||
 Db 2940 TGCGGATCAAGATGACCGCAACATAGACGAGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 2999
 QY 2460 CAACGCTGCGAGCATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2519
 |||||
 Db 3000 CAACGCTGCGAGCATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3059
 QY 2520 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAGTGCACAC 2579
 |||||
 Db 3060 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAGTGCACAC 3119
 QY 2580 CGCCACGATTAACCATATGATCCGCTAACAAACAGTAAGGTGATGATGATGATGATGATGAT 2639
 |||||
 Db 3120 CGCCACGATTAACCATATGATCCGCTAACAAACAGTAAGGTGATGATGATGATGATGATGAT 3179
 QY 2640 GGATGATACCAACATTCATGATTAACAGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2699
 |||||
 Db 3180 GGATGATACCAACATTCATGATTAACAGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3239
 QY 2700 CACCAAACTGACAAACAAAGTGTAAATGATACAGCACTTAACCTTTAATGTTAACTC 2759
 |||||
 Db 3240 CACCAAACTGACAAACAAAGTGTAAATGATACAGCACTTAACCTTTAATGTTAACTC 3299
 QY 2760 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTGTAACGCAAAAGATGCGGAAATTAACCAACCTTAAGC 2819
 |||||
 Db 3300 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTGTAACGCAAAAGATGCGGAAATTAACCAACCTTAAGC 3359
 QY 2820 CAAGAAGATTCACACCAACAAAGGACAGAGACACCGCCCTCAACACTTTAACCTTTAA 2879
 |||||
 Db 3360 CAAGAAGATTCACACCAACAAAGGACAGAGACACCGCCCTCAACACTTTAACCTTTAA 3419
 QY 2880 AAAGTGAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2939
 |||||
 Db 3420 AAAGTGAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3479
 QY 2940 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACCTCAAGGTGAAGGTAAGGTTAATTAATTAAC 2999
 |||||
 Db 3480 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACCTCAAGGTGAAGGTTAATTAATTAATTAAC 3559
 QY 3000 CGACAAAATGATGCGTTACCTTTGGCATTTAACCAACAAAGCGGTCTTAAAGCGGCGCAA 3059

```
|||||
Db 3540 CGACAAAATGATGGTTACCTTGGCATTAACACCAAGCGGTCTTAAAGCCGGCAA 3599
Qy 3060 AAGCACCCTAAACGAGCGTGGCTGTCTATTAAAAACCCCTGTGTAGCGAAACAAATCCA 3119
Db 3600 AAGCACCCTAAACGAGCGTGGCTGTCTATTAAAAACCCCTGTGTAGCGAAACAAATCCA 3659
Qy 3120 AGTCGTCGTATGGCGTGAAGTTGGCCAGGTTAATATATGTTGTGTAGGTGCTGG 3179
Db 3660 AGTCGTCGTATGGCGTGAAGTTGGCCAGGTTAATATATGTTGTGTAGGTGCTGG 3719
Qy 3180 CATTATGCGACAACTCGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3239
Db 3720 CATTATGCGACAACTCGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3779
Qy 3240 ACTTGATTAAGCAACCCACCTTAAGCAAGAGCGCATTTAAGCGAGGTGGTAAAAAGAT 3299
Db 3780 ACTTGATTAAGCAACCCACCTTAAGCAAGAGCGCATTTAAGCGAGGTGGTAAAAAGAT 3839
Qy 3300 TACCAACATTCATAGTAGTAGATTGCCAAACAGCCATGCTGTGTAGACAGCGCGCA 3359
Db 3840 TACCAACATTCATAGTAGTAGATTGCCAAACAGCCATGCTGTGTAGACAGCGCGCA 3899
Qy 3360 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAACAAATTCAGCACTAGTCCAAAACAGCACA 3419
Db 3900 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAACAAATTCAGCACTAGTCCAAAACAGCACA 3959
Qy 3420 AAACATTCATACAGAAATTCATAGTAGAGTAACAGAGTAATTAACCTTACGCTTAGTAA 3479
Db 3960 AAACATTCATACAGAAATTCATAGTAGAGTAACAGAGTAATTAACCTTACGCTTAGTAA 4019
Qy 3480 CCTTACTCGAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCACTACCTTGCAGGTGAANA 3539
Db 4020 CCTTACTCGAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCACTACCTTGCAGGTGAANA 4079
Qy 3540 CGGCATTACACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGCGTGTGGCATTGACCAAAACCAAGG 3599
Db 4080 CGGCATTACACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGCGTGTGGCATTGACCAAAACCAAGG 4139
Qy 3600 CTTTAACCAAGCCTTAAGTGAACCGTGGGTATTAATGGCAAGGATGTCTATGACAG 3659
Db 4140 CTTTAACCAAGCCTTAAGTGAACCGTGGGTATTAATGGCAAGGATGTCTATGACAG 4199
Qy 3660 CCAAAATGCTCAAAATTCATACAGAGTAACCAACCTCTAGTAATGTTACCAATGA 3719
Db 4200 CCAAAATGCTCAAAATTCATACAGAGTAACCAACCTCTAGTAATGTTACCAATGA 4259
Qy 3720 TAAAGTAGCGTAGCACACAGAACAGGCAATTAATCAAAAGCAGAACAAACCCG 3779
Db 4260 TAAAGTAGCGTAGCACACAGAACAGGCAATTAATCAAAAGCAGAACAAACCCG 4319
Qy 3780 TGGCGCCAGCATTTGTATGTGTAGCGAGGCTTAACTTGCAAGGCAATGGTGAAGC 3839
Db 4320 TGGCGCCAGCATTTGTATGTGTAGCGAGGCTTAACTTGCAAGGCAATGGTGAAGC 4379
Qy 3840 GGTGACTTGTGTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGGCAACCCG 3899
Db 4380 GGTGACTTGTGTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGGCAACCCG 4439
Qy 3900 TAAAGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGTCTATATGATGCAATGTGA 3959
Db 4440 TAAAGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGTCTATATGATGCAATGTGA 4499
Qy 3960 TGATTCACACATTTGAAAGTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAAGAACCAACATTTGACAG 4019
Db 4500 TGATTCACACATTTGAAAGTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAAGAACCAACATTTGACAG 4559
Qy 4020 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCTTAAGCAATCAACTCTGGCGATGGCTTGT 4079
Db 4560 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCTTAAGCAATCAACTCTGGCGATGGCTTGT 4619
Qy 4080 CAAGGCGATGATGCTGTGCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCAAACTGCCAA 4139
|||||

Db 4620 CAAGGCGATGATGCTGTGCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCAAACTGCCAA 4679
Qy 4140 AGGGGCAAGCAACGACACACTACAGAGCTATGTGGATGTGATGGCAATAAAGTCAAT 4199
Db 4680 AGGGGCAAGCAACGACACACTACAGAGCTATGTGGATGTGATGGCAATAAAGTCAAT 4739
Qy 4200 CTTATGACAGTACGATTAACAGTATATCAAGGCAAAATGATGGCAGCTTGAATAAAC 4259
Db 4740 CTTATGACAGTACGATTAACAGTATATCAAGGCAAAATGATGGCAGCTTGAATAAAC 4799
Qy 4260 CAAGAAGTTGCCAAAGACAACTGTGCGCCAAAGCCCAACAGATGGCAATTTGGC 4319
Db 4800 CAAGAAGTTGCCAAAGACAACTGTGCGCCAAAGCCCAACAGATGGCAATTTGGC 4859
Qy 4320 TCAATTAATGTAATCAATCACTTAAACAAAGAAAGTAATGATGGCAATTAAGCA 4379
Db 4860 TCAATTAATGTAATCAATCACTTAAACAAAGAAAGTAATGATGGCAATTAAGCA 4919
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGACAAAGCCTTGTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATTAACA 4439
Db 4920 AGGCATCAATGAAGACAAAGCCTTGTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATTAACA 4979
Qy 4440 AACCAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGGTATTAATGCGCTTGCCCAACACCGCTGAC 4499
Db 4980 AACCAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGGTATTAATGCGCTTGCCCAACACCGCTGAC 5039
Qy 4500 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGCTTGCACATCAAAAG 4559
Db 5040 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGCTTGCACATCAAAAG 5099
Qy 4560 TGGGCAAAACACACACATTAAGTAAACGATTAATGATGCTGTGTAGCAGTACTGA 4619
Db 5100 TGGGCAAAACACACACATTAAGTAAACGATTAATGATGCTGTGTAGCAGTACTGA 5159
Qy 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGACCTAACCAATCTTAACAGCTTAATGACAGTGG 4679
Db 5160 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGACCTAACCAATCTTAACAGCTTAATGACAGTGG 5219
Qy 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTGTAGACTCAAGCGGTGAAGCAAAAGCAA 4739
Db 5220 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTGTAGACTCAAGCGGTGAAGCAAAAGCAA 5279
Qy 4740 CACCCCTGTGCTAAATGGCAATGGGCTGAGCCTGGGTGGCAAGTCAATCAATTAATGGGG 4799
Db 5280 CACCCCTGTGCTAAATGGCAATGGGCTGAGCCTGGGTGGCAAGTCAATCAATTAATGGGG 5339
Qy 4800 CAAAGGCAAAAGATACCGAGCGTGCATATGATCAACAGTTAAACGAAAGTACCAACTT 4859
Db 5340 CAAAGGCAAAAGATACCGAGCGTGCATATGATCAACAGTTAAACGAAAGTACCAACTT 5399
Qy 4860 GTTGGGTCTTGTGAATGCTGTGAATGATTAACGCTGACGCAATGAGTTAAACATTTGCCGA 4919
Db 5400 GTTGGGTCTTGTGAATGCTGTGAATGATTAACGCTGACGCAATGAGTTAAACATTTGCCGA 5459
Qy 4920 CATCAAAAAGAACCCAAATTCAGTTCATCTAATCGGCACTGTCAATCAAAAGCAGGAC 4979
Db 5460 CATCAAAAAGAACCCAAATTCAGTTCATCTAATCGGCACTGTCAATCAAAAGCAGGAC 5519
Qy 4980 GGTACTTGGCGGTAAGGTAATAGCATACGAAAAACTTGGCACTGGTGTATCAAGT 5039
Db 5520 GGTACTTGGCGGTAAGGTAATAGCATACGAAAAACTTGGCACTGGTGTATCAAGT 5579
Qy 5040 GGCCTGTGATTAAGAGACGCGTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5099
Db 5580 GGCCTGTGATTAAGAGACGCGTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5639
Qy 5100 AAAAGATGCGACGCAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCGCGCAGACCAACTA 5159
Db 5640 AAAAGATGCGACGCAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCGCGCAGACCAACTA 5699
Qy 5160 TTTGACCAACACCCGCGAGAACCTTGAACAGATTAATGAACAGATGATCGCTTCTT 5219
Db 5700 TTTGACCAACACCCGCGAGAACCTTGAACAGATTAATGAACAGATGATCGCTTCTT 5759
|||||
```



```

OY 5220 CCATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTTGTTACAAGGGCGTTAAGCGCATGTGACTGAAG 5279
DB 5760 CCATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTTGTTACAAGGGCGTTAAGCGCATGTGACTGAAG 5819
OY 5280 TGGCTCAGGCAAGCACTCACTGAGTGGATAGTTTCCAGGGCCAAAGCAGATGGTGAAGCGCG 5339
DB 5820 TGGCTCAGGCAAGCACTCACTGAGTGGATAGTTTCCAGGGCCAAAGCAGATGGTGAAGCGCG 5879
OY 5340 CGTTGCCATATGAGCAGACAAACCAGAGGCAACCAATCCATGCGCATCGGTGTAAAGC 5399
DB 5880 CGTTGCCATATGAGCAGACAAACCAGAGGCAACCAATCCATGCGCATCGGTGTAAAGC 5939
OY 5400 ACAAGCCAGGGGAGTCAATCAATCGCATGCTTACAGGCAATGGTGTACAGGTAAGCA 5459
DB 5940 ACAAGCCAGGGGAGTCAATCAATCGCATGCTTACAGGCAATGGTGTACAGGTAAGCA 5999
OY 5460 CTCTGGTGCATCGCGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTATACAGTACAGTGGGTAA 5519
DB 6000 CTCTGGTGCATCGCGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTATACAGTACAGTGGGTAA 6059
OY 5520 TAAACAACGATTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGTTCTTTGGTGGGCAATAACATCAC 5579
DB 6060 TAAACAACGATTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGTTCTTTGGTGGGCAATAACATCAC 6119
OY 5580 CGTAGCCGAAGTAACTCGGTTGCTTAGTCAAACTCGCCATCAGTGCAGGACACACA 5639
DB 6120 CGTAGCCGAAGTAACTCGGTTGCTTAGTCAAACTCGCCATCAGTGCAGGACACACA 6179
OY 5640 CGCAGGCACACAAAGCAAAAAATCTGACGACAGCAGAGTACAACCAACCAAGCAGAGTGC 5699
DB 6180 CGCAGGCACACAAAGCAAAAAATCTGACGACAGCAGAGTACAACCAACCAAGCAGAGTGC 6239
OY 5700 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAAGCGGCGTTGGTGGCTCCCTGGGTGC 5759
DB 6240 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAAGCGGCGTTGGTGGCTCCCTGGGTGC 6299
OY 5760 CTGAGGTGCTGAAGCGCGTATCCAAAATGTGCGAGCAGGTGAGGTGTCACACCAACAC 5819
DB 6300 CTGAGGTGCTGAAGCGCGCGTATCCAAAATGTGCGAGCAGGTGAGGTGTCACACCAACAC 6359
OY 5820 CGATGCGGCTCAATGTTAGCCAGTGTGTAACAAGGCCAACCAAGCAATGGCCAAACGCA 5879
DB 6360 CGATGCGGCTCAATGTTAGCCAGTGTGTAACAAGGCCAACCAAGCAATGGCCAAACGCA 6419
OY 5880 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 5939
DB 6420 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 6479
OY 5940 GATGGGAGTGGCGTCATGTCACAAAGCTCATTTCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGG 5999
DB 6480 GATGGGAGTGGCGTCATGTCACAAAGCTCATTTCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGG 6539
OY 6000 TATTGCCACCCACCAAGCGTCAAGGTGCGAGTGGGAGTGGGAGTGTGCAAGTGTGCGATTA 6059
DB 6540 TATTGCCACCCACCAAGCGTCAAGGTGCGAGTGGGAGTGGGAGTGTGCAAGTGTGCGATTA 6599
OY 6060 TGGTCAATGGGTATTTTAAATCAATGTTTACGCGATACCCAAAGCCATTTAGGGGCGGC 6119
DB 6600 TGGTCAATGGGTATTTTAAATCAATGTTTACGCGATACCCAAAGCCATTTAGGGGCGGC 6659
OY 6120 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6141
DB 6660 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6681

RESULT 4
ID AAF59100 standard; DNA: 6973 BP.
XX AAF59100;
XX 24-APR-2001 (first entry)

```

```

XX DE M. catarrahilis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kda gene SEQ ID NO:1.
XX KW Moraxella catarrahilis strain 4223; major outer membrane protein;
XX KW 200kda outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
XX KW otlis media; detection; ds.
XX OS Moraxella catarrahilis.
XX PN W0200107619-A1.
XX PD 01-FEB-2001.
XX PF 26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.
XX PR 27-JUL-1999; 9905-0361619.
XX PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX DR WPI; 2001-159722/16.
XX DR P-PDB; AAB69133.
XX PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrahilis outer membrane protein,
XX PT useful in protective vaccines and for diagnosis
XX PS Example 3; Fig 2A-W; 247pp; English.
XX CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
XX CC that encodes a 200 kda outer membrane protein of Moraxella catarrahilis.
XX CC The 200 kda outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
XX CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
XX CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrahilis
XX CC infections, particularly otlis media in humans. (II) is also used as
XX CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
XX CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
XX CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kda protein
XX CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrahilis.
XX CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
XX CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
XX CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
XX CC M. catarrahilis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kda gene, which is used
XX CC in the exemplification of the present invention.
XX SQ Sequence 6973 BP; 2265 A; 1555 C; 1533 G; 1620 T; 0 other;

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 22; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;

```

```

OY 1 ATGAATCATCTATTAAGTCAATCTTAAACAAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGCA 60
DB 542 ATGAATCATCTATTAAGTCAATCTTAAACAAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGCA 601
OY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGACACGGGGGGGTGAGTGTGTCACAGGCAAGTTGGCAG 661
DB 602 GAGTACGCCAAATCCACAGACACGGGGGGGTGAGTGTGTCACAGGCAAGTTGGCAG 661
OY 120 TGTATGACACTGTGAGCTTTGCGCCGTATTTGCGCGCTGCTGCTGATCGGTGCAAC 179
DB 662 TGTATGACACTGTGAGCTTTGCGCCGTATTTGCGCGCTGCTGCTGATCGGTGCAAC 721
OY 180 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCGCAATGGTGACACA 239
DB 722 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCGCAATGGTGACACA 781
OY 240 AAACCAAGCCAAAGCGTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCAATGCTATTTGG 299
DB 782 AAACCAAGCCAAAGCGTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCAATGCTATTTGG 841
OY 300 TGAANAATGCTAACGACAGGCGGTCAAGGCATGCCATGGGTAGTATAAATCTGT 359

```

Db 842 TGAATATGCTAACGACAGGGGGGTCAAGCCATCGCATCGTAGTACTAATAAATCTGT 901
Qy 360 CAATGAGACAGATTTGGATAGATAGATACGATGCTACGGGTTCAGAGTCATCGCCAT 419
Db 902 CAATGGAAACAGATTTGGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT 961
Qy 420 CGGTGGTGTATGAAGGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTAGTACTGATCA 479
Db 962 CGGTGGTGTATGAAGGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTAGTACTGATCA 1021
Qy 480 TTTGCTTGTATCAGCATGTATATCTTAACATTCGGAAGGTACTCGATTAAAGATCTTAT 539
Db 1022 TTTGCTTGTATCAGCATGTATATCTTAACATTCGGAAGGTACTCGATTAAAGATCTTAT 1081
Qy 540 TAACGGCCATGCAATATTAAGAAATACGAAGCTCAAAAGCATTAATGATGTAATATAG 599
Db 1082 TAACGGCCATGCAATATTAAGAAATACGAAGCTCAAAAGCATTAATGATGTAATATAG 1141
Qy 600 ACGCACACCGGACGAGGACAGCCAGTACTGACAGTGGAGAGCCATGCTATGACAGGG 659
Db 1142 ACGCACACCGGACGAGGACAGCCAGTACTGACAGTGGAGAGCCATGCTATGACAGGG 1201
Qy 660 TCATTTTTCACAGCCCTTGTGTACAGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGT 719
Db 1202 TCATTTTTCACAGCCCTTGTGTACAGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGT 1261
Qy 720 GGGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCAATCTACATGCTATTGTGTTCTGATGCAACATC 779
Db 1262 GGGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCAATCTACATGCTATTGTGTTCTGATGCAACATC 1321
Qy 780 TAGCTCTTGGAGGCGATAGCCCTTGTGTGAGGACTCGTCTACCTACAGGGCAGTAT 839
Db 1322 TAGCTCTTGGAGGCGATAGCCCTTGTGTGAGGACTCGTCTACCTACAGGGCAGTAT 1381
Qy 840 TGCCCTAGGTCAAGGTTCTGTGTCTACTCAGAGTATTAATATTTCTAGACGGCCTATAC 899
Db 1382 TGCCCTAGGTCAAGGTTCTGTGTCTACTCAGAGTATTAATATTTCTAGACGGCCTATAC 1441
Qy 900 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCACCACCAATTAATGGAAGGGGTCC 959
Db 1442 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCACCACCAATTAATGGAAGGGGTCC 1501
Qy 960 ACTTTCATTTGGTATTAATCTATCAAAAGTAAATCATCATGTGCGTGCAGGTGTTAA 1019
Db 1502 ACTTTCATTTGGTATTAATCTATCAAAAGTAAATCATCATGTGCGTGCAGGTGTTAA 1561
Qy 1020 TAAACCGCATGCGGTATGAGGCAAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGTGGGCTAAGAGCG 1079
Db 1562 TAAACCGCATGCGGTATGAGGCAAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGTGGGCTAAGAGCG 1621
Qy 1080 TAGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATAGTTTGAATATAC 1139
Db 1622 TAGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATAGTTTGAATATAC 1681
Qy 1140 TTTAACTATTAAGGTGTGACAGACCAAGCATTAACCGATATATATCGGTTGCT 1199
Db 1682 TTTAACTATTAAGGTGTGACAGACCAAGCATTAACCGATATATATCGGTTGCT 1741
Qy 1200 AAAAGGCGTGTATATAGTGTGCTGAAGTTAACTTGTCAAACTTTAAACATCTTAC 1259
Db 1742 AAAAGGCGTGTATATAGTGTGCTGAAGTTAACTTGTCAAACTTTAAACATCTTAC 1801
Qy 1260 TGAAGTATTAACATTAATTAATGCAACCAACAGTTAAGTATGATAGTATAG 1319
Db 1802 TGAAGTATTAACATTAATTAATGCAACCAACAGTTAAGTATGATAGTATAG 1861
Qy 1320 TACTACAGTGAATTTATGAGTATGATTAACCTTACCGACCCCAATACAGGACATCA 1379
Db 1862 TACTACAGTGAATTTATGAGTATGATTAACCTTACCGACCCCAATACAGGACATCA 1921
Qy 1380 AACCAAGCAAAACCGTATATGCGTTAATGGGTGAAGTTACTAATATATGACAGAAC 1439
Db 1922 AACCAAGCAAAACCGTATATGCGTTAATGGGTGAAGTTACTAATATATGACAGAAC 1981

Qy 1440 AACAGCAGCAATGGGCACTACTGATTAACAGAGATTAATAATTTGGCTTGTCTGAGATGG 1499
Db 1982 AACAGCAGCAATGGGCACTACTGATTAACAGAGATTAATAATTTGGCTTGTCTGAGATGG 2041
Qy 1500 TGAATGTATGAATAAACACACCATATTTGGATTAATAAACACATTAATAGGTGATGCT 1559
Db 2042 TGAATGTATGAATAAACACACCATATTTGGATTAATAAACACATTAATAGGTGATGCT 2101
Qy 1560 TGCATTTACCATAGACATATGGCAATGATGAGGTAAATTAATAAGATCATATCTGCCAA 1619
Db 2102 TGCATTTACCATAGACATATGGCAATGATGAGGTAAATTAATAAGATCATATCTGCCAA 2161
Qy 1620 AGTAGAGAGTGTATACGATGCGGTATACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTACTTT 1679
Db 2162 AGTAGAGAGTGTATACGATGCGGTATACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTACTTT 2221
Qy 1680 AAACGACAGGCGTGGCATCAAGTGTCAACCTACTGAAATTCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
Db 2222 AAACGACAGGCGTGGCATCAAGTGTCAACCTACTGAAATTCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
Qy 1740 CAATGTTACCGCCCACTTACACATTTGGCGTGAATAACCAACGAGCTTAACAGTATGG 1799
Db 2282 CAATGTTACCGCCCACTTACACATTTGGCGTGAATAACCAACGAGCTTAACAGTATGG 2341
Qy 1800 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGTTAGTATGCAACATTAAGTATACCGCCGA 1859
Db 2342 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGTTAGTATGCAACATTAAGTATACCGCCGA 2401
Qy 1860 ACATTTGGCAAGCTATCTTAATTAAGTATGCAACAGGCTGACAGTCTCTACAAACCTT 1919
Db 2402 ACATTTGGCAAGCTATCTTAATTAAGTATGCAACAGGCTGACAGTCTCTACAAACCTT 2461
Qy 1920 TACCGTTAAGAAAGAACAGATGATGACGCCATTCACCGTGGCTTAAGATATAGAC 1979
Db 2462 TACCGTTAAGAAAGAACAGATGATGACGCCATTCACCGTGGCTTAAGATATAGAC 2521
Qy 1980 AAAAAATGCGCGGAGAGTACAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAGGTCTTACGGTTGC 2039
Db 2522 AAAAAATGCGCGGAGAGTACAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAGGTCTTACGGTTGC 2581
Qy 2040 TACCAAAAAAGATGTTAGGTTACCTTTGGCTTACCCAAAGTATAGCGGTGACCATTTGG 2099
Db 2582 TACCAAAAAAGATGTTAGGTTACCTTTGGCTTACCCAAAGTATAGCGGTGACCATTTGG 2641
Qy 2100 CAATAACCCCTTAACCAACAGATGCTTGAAGTACCAAGCAAGCAAAATCCAAAGT 2159
Db 2642 CAATAACCCCTTAACCAACAGATGCTTGAAGTACCAAGCAAGCAAAATCCAAAGT 2701
Qy 2160 CGGTGCTAATGGCATTAATTAATTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 2219
Db 2702 CGGTGCTAATGGCATTAATTAATTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 2761
Qy 2220 AATATCCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2279
Db 2762 AATATCCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2821
Qy 2280 TACAAACAAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTCAAGAGTTGGCATGTTAACTTACCAA 2339
Db 2822 TACAAACAAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTCAAGAGTTGGCATGTTAACTTACCAA 2881
Qy 2340 CACTGCAATTAAGCAGAGTGTAAAGCATCAAGAGGCTGTCCCAACACTGCTGCTGCAAT 2399
Db 2882 CACTGCAATTAAGCAGAGTGTAAAGCATCAAGAGGCTGTCCCAACACTGCTGCTGCAAT 2941
Qy 2400 TGGCGATCAAAAGTATGCGGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAATC 2459
Db 2942 TGGCGATCAAAAGTATGCGGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAATC 3001
Qy 2460 CAAGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTTAAAAATTAATACAA 2519
Db 3002 CAAGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATTAATTAATACAGGCTTTAACTTAAAAATTAATACAA 3061

```

2520 CCCCATTTGACCTTTGCTCCACTTATGACATTTGTCCTTGGCCAAATGGCAATGCCACAC 2579
    |||
3062 CCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTCCTTGGCCAAATGGCAATGCCACAC 3121
    |||
2580 CGCCACAGTACCCATGATACCGCTAACAAACCAAGTAAAGTGTATGATGTGAATGT 2639
    |||
3122 CGCCACAGTACCCATGATACCGCTAACAAACCAAGTAAAGTGTATGATGTGAATGT 3181
    |||
2640 GGATGATACACCTTCACTCTACAGCAGCTGATGACAAATAAAACTTGGGCTCAAAAC 2699
    |||
3182 GGATGATACACCTTCACTCTACAGCAGCTGATGACAAATAAAACTTGGGCTCAAAAC 3241
    |||
2700 CACCAACTGACAAACAAACAAGTCTAATGTAATACAGCACTAAGCTTAACTTAACTTAACTC 2759
    |||
3242 CACCAACTGACAAACAAACAAGTCTAATGTAATACAGCACTAAGCTTAACTTAACTC 3301
    |||
2760 TACTGATGAAGATGCCCTTGTTAAGCCAAAGACATGCCCCGAAATCTAAACACCTAGC 2819
    |||
3302 TAGTGATGAAGATGCCCTTGTTAAGCCAAAGACATGCCCCGAAATCTAAACACCTAGC 3361
    |||
2820 CAAGGAATTTCAACACCAACAAAGGCAAGACAGACCGGCTCAAAACCTTACCGTTAA 2879
    |||
3362 CAAGGAATTTCAACACCAACAAAGGCAAGACAGACCGGCTCAAAACCTTACCGTTAA 3421
    |||
2880 AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCCATCACCCTGGGTCAAAAGAA 2939
    |||
3422 AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCCATCACCCTGGGTCAAAAGAA 3481
    |||
2940 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAACCGTCTTAATATTAAC 2999
    |||
3482 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAACCGTCTTAATATTAAC 3541
    |||
3000 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAACCGTCTTAATATTAAC 3059
    |||
3542 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAACCGTCTTAATATTAAC 3601
    |||
3060 AAGCACCTTAAGAGAGAGGCTGCTGCTATTAATAAAACCCCACTGTAAGCAAAATCCA 3119
    |||
3602 AAGCACCTTAAGAGAGAGGCTGCTGCTATTAATAAAACCCCACTGTAAGCAAAATCCA 3661
    |||
3120 AGTGGTCTGATGCGGTGAAGTTTCCAAAGTTAATTAATGCTGTTAGGTGCTGG 3179
    |||
3662 AGTGGTCTGATGCGGTGAAGTTTCCAAAGTTAATTAATGCTGTTAGGTGCTGG 3721
    |||
3180 CATTTGATGGACAACTGCAATTCACAGAGTGAATGCTGTTACAGGCACTAATGGCTC 3239
    |||
3722 CATTTGATGGACAACTGCAATTCACAGAGTGAATGCTGTTACAGGCACTAATGGCTC 3781
    |||
3240 ACTTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGAGCGCATTAAGCAGAGTGTAAAAAGAT 3299
    |||
3782 ACTTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGAGCGCATTAAGCAGAGTGTAAAAAGAT 3841
    |||
3300 TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTTGCCAAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCAA 3359
    |||
3842 TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTTGCCAAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCAA 3901
    |||
3360 GATTTGATGATTTAAAAACCGAAGTGAATAAACAAGATACAGATACAGTACAGCAAGCAACA 3419
    |||
3902 GATTTGATGATTTAAAAACCGAAGTGAATAAACAAGATACAGATACAGTACAGCAAGCAACA 3961
    |||
3420 AAATCTATTAACAGAAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAGTAATTAATTAATTAATTAATTA 3479
    |||
3962 AAATCTATTAACAGAAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAGTAATTAATTAATTAATTAATTA 4021
    |||
3480 CCGTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTCAGGTGAAAA 3539
    |||
4022 CCGTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTCAGGTGAAAA 4081
    |||
3540 CCGCATTTACCAACAGGTAATTAAGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3599
    |||
4082 CCGCATTTACCAACAGGTAATTAAGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4141
    |||
3600 CTTAACACGCTTAAGCTGACGCTGGGTAAATTAATGGAAGGCACTTGTCTATGACAG 3659
    |||

4142 CTTAACACGCTTAAGCTGACGCTGGGTAAATTAATGGAAGGCACTTGTCTATGACAG 4201
    |||
3660 CCAAAATGTGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3719
    |||
4202 CCAAAATGTGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4261
    |||
3720 TAAAGGTAGGCTAGCGCCAGACAGACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3779
    |||
4262 TAAAGGTAGGCTAGCGCCAGACAGACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4321
    |||
3780 TGGCCGACGATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGC 3839
    |||
4322 TGGCCGACGATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGC 4381
    |||
3840 GGTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCGATGTGCAATGCCACACCGC 3899
    |||
4382 GGTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCGATGTGCAATGCCACACCGC 4441
    |||
3900 TAAAGGTAGGCTAGCGCCAGACAGACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3959
    |||
4442 TAAAGGTAGGCTAGCGCCAGACAGACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4501
    |||
3960 TGAATACACCATTTGAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 4019
    |||
4502 TGAATACACCATTTGAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 4561
    |||
4020 TACTGCGACAGGTGCTAATTAATTTGCGCTTAAGCAATCAAGCTACAGTACGCGCTTGT 4079
    |||
4562 TACTGCGACAGGTGCTAATTAATTTGCGCTTAAGCAATCAAGCTACAGTACGCGCTTGT 4621
    |||
4080 CAAGGCGAGTATGCTGCTGCTCATTAACACCTTTCAGGAGACATCCAAACTGCGCAA 4139
    |||
4622 CAAGGCGAGTATGCTGCTGCTCATTAACACCTTTCAGGAGACATCCAAACTGCGCAA 4681
    |||
4140 AAGGGCAAGCCAAAGCGAACAACCTAGCAGGCTATGATGATGCTGATGGAATTAAGTCAAT 4199
    |||
4682 AAGGGCAAGCCAAAGCGAACAACCTAGCAGGCTATGATGATGCTGATGGAATTAAGTCAAT 4741
    |||
4200 CTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAATTAATGATGACAGTGTAAAC 4259
    |||
4742 CTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAATTAATGATGACAGTGTAAAC 4801
    |||
4260 CAAAGAGTGTGCCAAAGCAACAAGTGTGCGCCAAAGCCCAACCCCAATGAGCAATGGC 4319
    |||
4802 CAAAGAGTGTGCCAAAGCAACAAGTGTGCGCCAAAGCCCAACCCCAATGAGCAATGGC 4861
    |||
4320 TCAAAATGAATGTCAAATCACTCATTTAAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATTAAGAAACA 4379
    |||
4862 TCAAAATGAATGTCAAATCACTCATTTAAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATTAAGAAACA 4921
    |||
4380 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGCACTTTGAAAAACCCGCTTCTGTAACAA 4439
    |||
4922 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGCACTTTGAAAAACCCGCTTCTGTAACAA 4981
    |||
4440 AACCAAAAAGCGCGCACTAATCTGTTGTTAAATGCGTTGCCAAACACCGCTGAC 4499
    |||
4982 AACCAAAAAGCGCGCACTAATCTGTTGTTAAATGCGTTGCCAAACACCGCTGAC 5041
    |||
4500 CTTTTCAGGGGATPACAGGCAACAGGCTAAAAAAACCTGGGAGACTTTGACATCAAAAGG 4559
    |||
5042 CTTTTCAGGGGATPACAGGCAACAGGCTAAAAAAACCTGGGAGACTTTGACATCAAAAGG 5101
    |||
4560 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4619
    |||
5102 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 5161
    |||
4620 TGGCTTACGTCAAACTTGCAGAAAGCAATCAACCACTTAACAGCGTTAATGAGGTGG 4679
    |||
5162 TGGCTTACGTCAAACTTGCAGAAAGCACTTAACCACTTAACAGCGTTAATGAGGTGG 5221
    |||
4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGCGCTGCTTTTGTGACTCAAGCGGTCAAGCAAAAGCAA 4739
    |||
```

Db 5222 CACCAAAATGTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA 5281
Qy 4740 CACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGAGTGGCAAGTCAATGTAATGTGGG 4799
Db 5282 CACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGAGTGGCAAGTCAATGTAATGTGGG 5341
Qy 4800 CAAAGGCACAAAGATACCGAGCGTGGCAATGTACACAGTAAACGAATAGCCAACTT 4859
Db 5342 CAAAGGCACAAAGATACCGAGCGTGGCAATGTACACAGTAAACGAATAGCCAACTT 5401
Qy 4860 GTTGGGTCTGTGTAATGTGCTGTAATGATACCGTCAAGCGCAATGAGTAAACATTGGCCA 4919
Db 5402 GTTGGGTCTGTGTAATGTGCTGTAATGATACCGTCAAGCGCAATGAGTAAACATTGGCCA 5461
Qy 4920 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCATCTAACCGCACTGTCTATCAAAAGCAGCAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCATCTAACCGCACTGTCTATCAAAAGCAGCAC 5521
Qy 4980 GGTACTTGGCGGTAAAGTAATACGATACGAAACCTTGGCACTGGTGGTATCAAGT 5039
Db 5522 GGTACTTGGCGGTAAAGTAATACGATACGAAACCTTGGCACTGGTGGTATCAAGT 5581
Qy 5040 GGGCGGTGATAAAGAGCGGACGCTAACGGCATTTAAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCA 5099
Db 5582 GGGCGGTGATAAAGAGCGGACGCTAACGGCATTTAAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCA 5641
Qy 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCTTATTAAGCCGCGCAGTCAACCAACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCTTATTAAGCCGCGCAGTCAACCAACTA 5701
Qy 5160 TTTTGACCAACAACCCCGGCAAGCATGTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTCTT 5219
Db 5702 TTTTGACCAACAACCCCGGCAAGCATGTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTCTT 5761
Qy 5220 CCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTACGCGCTTGTACTCAAG 5279
Db 5762 CCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTACGCGCTTGTACTCAAG 5821
Qy 5280 TGGCTCAGGCAAGCACTCAATGCGATAGGTTTCAAGGCGCAAGCAAGTGTGAACCGG 5339
Db 5822 TGGCTCAGGCAAGCACTCAATGCGATAGGTTTCAAGGCGCAAGCAAGTGTGAACCGG 5881
Qy 5340 CGTTGGCATAGGCAAGCAACCCCAAGCAGCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAAGC 5399
Db 5882 CGTTGGCATAGGCAAGCAACCCCAAGCAGCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAAGC 5941
Qy 5400 ACAAGCCACGGGCGATCAATCCATCGCATCGGTGATTAAGCAGGTAAGCA 5459
Db 5942 ACAAGCCACGGGCGATCAATCCATCGCATCGGTGATTAAGCAGGTAAGCA 6001
Qy 5460 CTCTGGTGGCCATGGGCGACCCCAAGCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAA 5519
Db 6002 CTCTGGTGGCCATGGGCGACCCCAAGCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAA 6061
Qy 5520 TAAACAACAGTTTACCGATGCGACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TAAACAACAGTTTACCGATGCGACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGGCAATTAACATCAC 6121
Qy 5580 CGTGAACCAAGTAACTGGGTTGGCTTAAGTTCAAACTCTGCAATGAGTGAGGACACACA 5639
Db 6122 CGTGAACCAAGTAACTGGGTTGGCTTAAGTTCAAACTCTGCAATGAGTGAGGACACACA 6181
Qy 5640 CGCAGGACACAAAGCAAAAAATGTGACGAGCAGGTAACACCAACCAAGCAGAGTGC 5699
Db 6182 CGCAGGACACAAAGCAAAAAATGTGACGAGCAGGTAACACCAACCAAGCAGAGTGC 6241
Qy 5700 AACCGGTACGGTTAAAGCTTTTGTGAGCAAAAGCGCGGTGGTGGGCTCCGTGGGTC 5759
Db 6242 AACCGGTACGGTTAAAGCTTTTGTGAGCAAAAGCGCGGTGGTGGGCTCCGTGGGTC 6301
Qy 5760 CTGAGGTGCTGAAGCGGCTGATCCAAATGTGACAGCAGGTGAGTCAAGTGCACCAAGCAG 5819
Db 6302 CTGAGGTGCTGAAGCGGCTGATCCAAATGTGACAGCAGGTGAGTCAAGTGCACCAAGCAGC 6361

Qy 5820 CGATGCGGTCAATGTGATGAGCAGTGTGATCAAAAGCCCAAGCAGTATGGCAACCA 5879
Db 6362 CGATGCGGTCAATGTGATGAGCAGTGTGATCAAAAGCCCAAGCAGTATGGCAACCA 6421
Qy 5880 TGAGCTTGAACATGATATCCACCAAAAGCAATAAGGCAATGACAGGATTTCAATCAGC 5939
Db 6422 TGAGCTTGAACATGATATCCACCAAAAGCAATAAGGCAATGACAGGATTTCAATCAGC 6481
Qy 5940 GATGGCATGGCTTCATGTCACAAAGCCTTCTGTGAGATCCATGATACCGGGG 5999
Db 6482 GATGGCATGGCTTCATGTCACAAAGCCTTCTGTGAGATCCATGATACCGGGG 6541
Qy 6000 TATTGCCACCCACAAAGCAGTCAAGTGGGTCAGTGGAGACTGTGCAAGCTGTGGATTA 6059
Db 6542 TATTGCCACCCACAAAGCAGTCAAGTGGGTCAGTGGAGACTGTGCAAGCTGTGGATTA 6601
Qy 6060 TGTGCAATGGGTATTTAAATCAATGATGATGAGCCATACCAAGGCGATGAGGGCGGC 6119
Db 6602 TGTGCAATGGGTATTTAAATCAATGATGATGAGCCATACCAAGGCGATGAGGGCGGC 6661
Qy 6120 AGTGTGTCAGGTTTTCACCTT 6141
Db 6662 AGTGTGTCAGGTTTTCACCTT 6683

RESULT 5

AAFS9101
ID AAFS9101 standard; DNA: 5979 BP.

AC AAFS9101;

DT 24-Apr-2001 (first entry)

DE M. catarrhalis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kDa coding sequence #2.

KW Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;

KM 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;

KK Otitis media; detection; ds.

OS Moraxella catarrhalis.

PN W020107619-A1.

PD 01-FEB-2001.

XX 26-JUL-2000; 2000WO-CA00870.

XX 27-JUL-1999; 99US-0361619.

XX (CONN-) CONNUGHT LAB LTD.

XX Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;

XX WPI: 2001-159722/16.

XX P-PSDB; AAB69133.

PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,

XX useful in protective vaccines and for diagnosis

XX Example 3; Fig 2A-W; 247bp; English.

The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I) that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis. The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as immunogenic compositions and vaccines in humans. (II) is also used as infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to generate Ab. (I) are used for recombinant production of (I) and its fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis. (1) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.

CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the *Escherichia coli* host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis strain 4223 lambdaDEMBJ3 clone 200kba coding sequence,
CC which is used in the exemplification of the present invention.
XX

Sequence 5979 BP; 1974 A; 1360 C; 1355 G; 1290 T; 0 other:

Query Match 97.3%; Score 5976; DB 22; Length 5979;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 166 GTGATCGGTGCAACGCTGAGTGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 225
DB 1 GTGATCGGTGCAACGCTGAGTGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 60
QY 226 GCAATTTGGTGAACAAACAGCCAGCAAGCGCTCAGGCTGCCAGGCGGAGGTGATGA 285
DB 61 GCAATTTGGTGAACAAACAGCCAGCAAGCGCTCAGGCTGCCAGGCGGAGGTGATGA 120
QY 286 GCCATTGCTATTGGTGAATGCTAACGACAGGCGGCTCAAGCGCATGCGCATGCTAGT 345
DB 121 GCCATTGCTATTGGTGAATGCTAACGACAGGCGGCTCAAGCGCATGCGCATGCTAGT 180
QY 346 AGTAATTAACACTGTCATGGAAGAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAA 405
DB 181 AGTAATTAACACTGTCATGGAAGAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAA 240
QY 406 GAGTCCATCGCCATGCTGGTGGTATGAAGGCTAGTGGTATGCTCGATGCTCCATCGGT 465
DB 241 GAGTCCATCGCCATGCTGGTGGTATGAAGGCTAGTGGTATGCTCGATGCTCCATCGGT 300
QY 466 AGTGATGCTTACATTTGCTTGATGAGCATGCTATCCATAACATCCGAAGTACTCTG 525
DB 301 AGTGATGCTTACATTTGCTTGATGAGCATGCTATCCATAACATCCGAAGTACTCTG 360
QY 526 ATTAACGATCTTATTAACGGCCATGAGTATTAAGAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGTAAT 585
DB 361 ATTAACGATCTTATTAACGGCCATGAGTATTAAGAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGTAAT 420
QY 586 GATGTAATAATATAGCCACAACCGCAAGCGGACACGCCAGTACTGTCAGTGGAGCCATG 645
DB 421 GATGTAATAATATAGCCACAACCGCAAGCGGACACGCCAGTACTGTCAGTGGAGCCATG 480
QY 646 TCATATGACAGGGCTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGC 705
DB 481 TCATATGACAGGGCTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGC 540
QY 706 TATTCCCTTGGCAGTGGGCTTCCGCCACAGCCGAGGGCCATCTACAACTCGCTATTGGT 765
DB 541 TATTCCCTTGGCAGTGGGCTTCCGCCACAGCCGAGGGCCATCTACAACTCGCTATTGGT 600
QY 766 TCTGATGACACATCTAGCTCGTTGGGAGGAGATAGCCCTTTGGTGCAGATCTGCTCAG 825
DB 601 TCTGATGACACATCTAGCTCGTTGGGAGGAGATAGCCCTTTGGTGCAGATCTGCTCAG 660
QY 826 CTACAGGCGAGATTTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTACCTCAGAGTATATATTT 885
DB 661 CTACAGGCGAGATTTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTACCTCAGAGTATATATTT 720
QY 886 AGACGGGCTTATACCAACAATACCGAGCCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAAT 945
DB 721 AGACGGGCTTATACCAACAATACCGAGCCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAAT 780
QY 946 ACGAAGGGGGGTCACCTTTCCATTTGGTAGTAACCTATACCAACGTAATATCATATGTC 1005
DB 781 ACGAAGGGGGGTCACCTTTCCATTTGGTAGTAACCTATACCAACGTAATATCATATGTC 840
QY 1006 GGTGAGGCTGTAATTAACCAACGATCGGCTCAATGTGGCAGACCTAGAACGGGTGGTGAAG 1065
DB 841 GGTGAGGCTGTAATTAACCAACGATCGGCTCAATGTGGCAGACCTAGAACGGGTGGTGAAG 900
QY 1066 TGGGCTAAGAGCGTGAATTAATCTTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATA 1125
DB 1125 TGGGCTAAGAGCGTGAATTAATCTTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATA

DB 901 TGGGCTAAGAGCGTGAATTAATCTTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATA 960
QY 1126 GGTGGTGAATTAATCTTTTAAAGTGGTGCAGACCAACGATTAACCGTAAAT 1185
DB 961 GGTGGTGAATTAATCTTTTAAAGTGGTGCAGACCAACGATTAACCGTAAAT 1020
QY 1186 AATATCGGTGTGTAATAAAGGCTGATTAAGGCTGTAAGGCTGTAAGGCTGTAAGGCT 1245
DB 1021 AATATCGGTGTGTAATAAAGGCTGATTAAGGCTGTAAGGCTGTAAGGCTGTAAGGCT 1080
QY 1246 TTAACAATCTTACTGAGGTGAATACAACTATTAATGCCACAACCAAGTAAAGTA 1305
DB 1081 TTAACAATCTTACTGAGGTGAATACAACTATTAATGCCACAACCAAGTAAAGTA 1140
QY 1306 GGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAG 1365
DB 1141 GGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAG 1200
QY 1366 AATACAGGCGAGTCAAAAGCAAGCAAGCAAAACCGTATAGGCGTTAATGGGTTAGT 1425
DB 1201 AATACAGGCGAGTCAAAAGCAAGCAAGCAAAACCGTATAGGCGTTAATGGGTTAGT 1260
QY 1426 AATATGCAAAACCAACAGCAGCAATCGGCTACTGTTATACAGAGATAAATTTGGC 1485
DB 1261 AATATGCAAAACCAACAGCAGCAATCGGCTACTGTTATACAGAGATAAATTTGGC 1320
QY 1486 TTTGGCTCGAGATGGTATGTTGATGAAAAACAAGCAATATTTGGATTAACCAACT 1545
DB 1321 TTTGGCTCGAGATGGTATGTTGATGAAAAACAAGCAATATTTGGATTAACCAACT 1380
QY 1546 AAGTGGGTAGTGGTTCATTTACATAGACATGAGCATGAGTATGAGTAAATTAAGATC 1605
DB 1381 AAGTGGGTAGTGGTTCATTTACATAGACATGAGCATGAGTATGAGTAAATTAAGATC 1440
QY 1606 AGTAATCTTGCACAAAGTACAGTGTCAACGATGCGGTTACCATGCAACGCTCAAGGC 1665
DB 1441 AGTAATCTTGCACAAAGTACAGTGTCAACGATGCGGTTACCATGCAACGCTCAAGGC 1500
QY 1666 GCCAAGCTTACTTTAAACGACAGGCGTGGCATTCAGTGTACACACTTACTAATATTCAGTT 1725
DB 1501 GCCAAGCTTACTTTAAACGACAGGCGTGGCATTCAGTGTACACACTTACTAATATTCAGTT 1560
QY 1726 GATGCTAAGAGTGGCAATTTTACCGCCCAACTTACCAATTTGGGCTGAAAAACCAAGC 1785
DB 1561 GATGCTAAGAGTGGCAATTTTACCGCCCAACTTACCAATTTGGGCTGAAAAACCAAGC 1620
QY 1786 CTTAACAGTAGTGGCACTAGTATTAATTTAGTGAAGGTAAGTGTACGAACAATAGC 1845
DB 1621 CTTAACAGTAGTGGCACTAGTATTAATTTAGTGAAGGTAAGTGTACGAACAATAGC 1680
QY 1846 TTAGTTACCGCGGACATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATTCGAACGGCTGACAT 1905
DB 1681 TTAGTTACCGCGGACATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATTCGAACGGCTGACAT 1740
QY 1906 GCTCTCAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGAGATGATGAGCCCAACCTATACACCGTG 1965
DB 1741 GCTCTCAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGAGATGATGAGCCCAACCTATACACCGTG 1800
QY 1966 GCTTAAGATACGACAAAAATGCGCGCAGTGCAGCTTAAACTCAAAGTAAANAC 2025
DB 1801 GCTTAAGATACGACAAAAATGCGCGCAGTGCAGCTTAAACTCAAAGTAAANAC 1860
QY 2026 GGTCTAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGTGTAGGCTTACCTTTGGGCTTGGCAAGTATAC 2085
DB 1861 GGTCTAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGTGTAGGCTTACCTTTGGGCTTGGCAAGTATAC 1920
QY 2086 GGTCTAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGCCTTAACCAAGATGCTGCTTAAAGTATCAAC 2145
DB 1921 GGTCTAAGGCTTTCCTTAAAGAAAGCCTTAACCAAGATGCTGCTTAAAGTATCAAC 1980
QY 2146 GAACAATATCAAGTGGTCTAATGCTAATTTAAATTTACTAATGTGATGATGATATCA 2205
DB 1981 GAACAATATCAAGTGGTCTAATGCTAATTTAAATTTACTAATGTGATGATGATATCA 2040

Oy	2206	GGTACTGCGCATTTGCAAAATACGCGCTGCGATTACAGAGATAATAAATTTGGCTTGCTGCTGTTCT	2265
Db	2041	GGTACTGCGCATTTGCAAAATACGCGCTGCGATTACAGAGATAATAAATTTGGCTTGCTGCTGTTCT	2100
Oy	2266	GATGGTCAGATTGATATCAAAACCAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAAT	2325
Db	2101	GATGGTCAGATTGATATCAAAACCAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAAT	2160
Oy	2336	GTTTAAGATTACCAACACTGCGCAATTAAAGCAGTGTGAAGGCATACAGAGCGCTGTGCCCA	2385
Db	2161	GTTTAAGATTACCAACACTGCGCAATTAAAGCAGTGTGAAGGCATACAGAGCGCTGTGCCCA	2220
Oy	2386	ACACTGCGCTAGCATTTGCGCGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGACTGGCAATACATTCGA	2445
Db	2221	ACACTGCGCTAGCATTTGCGCGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGACTGGCAATACATTCGA	2280
Oy	2446	GACAAACGCAATTCGCAACGCTGCGCAGCATTAATGATATTAATTAATACAGCTTTAACGA	2505
Db	2281	GACAAACGCAATTCGCAACGCTGCGCAGCATTAATGATATTAATTAATACAGCTTTAACGA	2340
Oy	2506	AAAAATATATAACAACCCCATTTGACTTGTCTCCACTATATGACATTTGTTGACTTTGCCAAT	2565
Db	2341	AAAAATATATAACAACCCCATTTGACTTGTCTCCACTATATGACATTTGTTGACTTTGCCAAT	2400
Oy	2566	GGCAATGCGACGACCGCGCAGTACACCTGATATACCGCTATACCAAAACCACTAAAGTGTA	2625
Db	2401	GGCAATGCGACGACCGCGCAGTACACCTGATATACCGCTATACCAAAACCACTAAAGTGTA	2460
Oy	2626	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCATTTCAATCTAACAGCACTGATGACATTAATAAAAA	2685
Db	2461	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCATTTCAATCTAACAGCACTGATGACATTAATAAAAA	2520
Oy	2686	CTTGGCGCTCAAAACCCACCAAACTGAACCAAAACAAGTGTATGTGAATACAGCAACTAAC	2745
Db	2521	CTTGGCGCTCAAAACCCACCAAACTGAACCAAAACAAGTGTGAATGTGAATACAGCAACTAAC	2580
Oy	2746	TTTAAATGTTAACTCTAGTGATGAAGATGCCCTTGTAAACGCCAAAGCATGCCGGAAT	2805
Db	2581	TTTAAATGTTAACTCTAGTGATGAAGATGCCCTTGTAAACGCCAAAGCATGCCGGAAT	2640
Oy	2806	CTTAAACACCCCTTAGCCCAAGAAATTCACACCACCAAAAGCAGACACCGCCTTACAA	2865
Db	2641	CTTAAACACCCCTTAGCCCAAGAAATTCACACCACCAAAAGCAGACACCGCCTTACAA	2700
Oy	2866	ACCTTTACCGCTTTAAAAAGGTGATGAATAATAATGCTGATGACGCCACGCCATCACG	2925
Db	2701	ACCTTTACCGCTTTAAAAAGGTGATGAATAATAATGCTGATGACGCCACGCCATCACG	2760
Oy	2926	GTTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCAAGTACACCCCTAACACTCGAAGGTGAAGACGT	2985
Db	2761	GTTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCAAGTACACCCCTAACACTCGAAGGTGAAGACGT	2820
Oy	2986	CTTTAATATTTAAAAACCGCAAAATAATGTAAGCTTAACTTTGGCAATTACACCAAGAAGCGT	3045
Db	2821	CTTTAATATTTAAAAACCGCAAAATAATGTAAGCTTAACTTTGGCAATTACACCAAGAAGCGT	2880
Oy	3046	CTTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAACAGACGGTGGCTTGTATTTAAAAACCCACTGCT	3105
Db	2881	CTTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAACAGACGGTGGCTTGTATTTAAAAACCCACTGCT	2940
Oy	3106	AGGGAACAAATTCACAGTGGGTGCTGATGAGGGGTGAAGTTTCCAAAGGTATATATATGT	3165
Db	2941	AGGGAACAAATTCACAGTGGGTGCTGATGAGGGGTGAAGTTTCCAAAGGTATATATATGT	3000
Oy	3166	GTTTGTAGTGTCTGCGCATTTGATGCGCAACTGCGATTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTTTGTAGTGTCTGCGCATTTGATGCGCAACTGCGATTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3060
Oy	3226	GGGACATTAATGGCTCACTTGATATAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCAATTAAACGA	3285
Db	3061	GGGACATTAATGGCTCACTTGATATAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCAATTAAACGA	3120

Oy	3286	GGTGTAAAGAAATTACCAACATTTCAATCCAGTGAATATGCCCAAAACAGCATGATGCT	3345
Db	3121	GGTGTAAAGAAATTACCAACATTTCAATCCAGTGAATATGCCCAAAACAGCATGATGCT	3180
Oy	3346	GTGACAGGGGGACATTTATGATTTATAAAAACCGAACTTGAAAAACAAATACGACGTA	3405
Db	3181	GTGACAGGGGGACATTTATGATTTATAAAAACCGAACTTGAAAAACAAATACGACGTA	3240
Oy	3406	GGCAAAACGACACAACACTCATTTACACGAATTTCTAGTAGCAAGTGAACAAGTAAATAC	3465
Db	3241	GGCAAAACGACACAACACTCATTTACACGAATTTCTAGTAGCAAGTGAACAAGTAAATAC	3300
Oy	3466	TTTACGGTAGTAACCCCTTACTCCAGTATGACACCTTAAGACCTCTGATGTATCCAC	3525
Db	3301	TTTACGGTAGTAACCCCTTACTCCAGTATGACACCTTAAGACCTCTGATGTATCCAC	3360
Oy	3526	TTTTCAGGTGAAGAACGGCATTTACCAACGAAGTAAATAAAGTGTGTGGTGGGCAATT	3585
Db	3361	TTTTCAGGTGAAGAACGGCATTTACCAACGAAGTAAATAAAGTGTGTGGTGGGCAATT	3420
Oy	3586	GACCAACCAAAAGCTTTAACCAAGCCTTAGCGACCGTGGGTAAATAAATATGCGCAAGC	3645
Db	3421	GACCAACCAAAAGCTTTAACCAAGCCTTAGCGACCGTGGGTAAATAAATATGCGCAAGC	3480
Oy	3646	ATTGTATTGACAGCCAAATATGTCAAAATACCATTACACGACTAAGCAACACTTACCT	3705
Db	3481	ATTGTATTGACAGCCAAATATGTCAAAATACCATTACACGACTAAGCAACACTTACCT	3540
Oy	3706	AATGTTACCAGATATTAAGGTAGCGTACGACACACAGAAACAGGGCAATTTATCAAAAGC	3765
Db	3541	AATGTTACCAGATATTAAGGTAGCGTACGACACACAGAAACAGGGCAATTTATCAAAAGC	3600
Oy	3766	GAGACACAAACCCGTCCGCGACACATTTGTTGATGTCTAAAGCGACGGCTTTAACTTGCA	3825
Db	3601	GAGACACAAACCCGTCCGCGACACATTTGTTGATGTCTAAAGCGACGGCTTTAACTTGCA	3660
Oy	3826	GGCAATGCTGAAGCGGTGACTTTGTCTCCACTTATGACACGTCAACTTGGCGATGGC	3885
Db	3661	GGCAATGCTGAAGCGGTGACTTTGTCTCCACTTATGACACGTCAACTTGGCGATGGC	3720
Oy	3886	AATGCCACCAACCGGTAAAGTGACCTATGATGACACAAGCAAAACCAAGTAAAGTGTCTAT	3945
Db	3721	AATGCCACCAACCGGTAAAGTGACCTATGATGACACAAGCAAAACCAAGTAAAGTGTCTAT	3780
Oy	3946	GATGTCATGTGATGATACCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAAAACC	4005
Db	3781	GATGTCATGTGATGATACCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAAAACC	3840
Oy	4006	ACCAATTTGACCACTAGCGACACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACT	4065
Db	3841	ACCAATTTGACCACTAGCGACACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACT	3900
Oy	4066	GGCATGCGGCTTGTCAAGGGCCAGTGATATCGTTGGCTCATCTAAACACCTTATCTGGCGAC	4125
Db	3901	GGCATGCGGCTTGTCAAGGGCCAGTGATATCGTTGGCTCATCTAAACACCTTATCTGGCGAC	3960
Oy	4126	ATCCAACTGCGCAAAAGGGGCAAGCCAAAGCCGAACCAACTCAGAGGCTTTGTGATGCTGAT	4185
Db	3961	ATCCAACTGCGCAAAAGGGGCAAGCCAAAGCCGAACCAACTCAGAGGCTTTGTGATGCTGAT	4020
Oy	4186	GGCAATAGGTCATCTATAGACAGTACCGGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAAAATGATGGC	4245
Db	4021	GGCAATAGGTCATCTATAGACAGTACCGGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAAAATGATGGC	4080
Oy	4246	ACAGTGTATAAACCAAGAAAGTTGGCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAAAACCCCA	4305
Db	4081	ACAGTGTATAAACCAAGAAAGTTGGCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAAAACCCCA	4140
Oy	4306	GATGGACATTTGGCTCAATGATGAATGTCAAATCAGCTATTAAACAAGAAACAAGTAAATGAT	4365
Db	4141	GATGGACATTTGGCTCAATGATGAATGTCAAATCAGCTATTAAACAAGAAACAAGTAAATGAT	4200
Oy	4366	GCCATATTAAGCAAGGCGCATCAATGAAGACAACGCCCTTTGTTAAAGCACTTTGAAAAGGCC	4425


```
|||||
Db 4201 GCCAATAAAAGCAAGCATCATGAAGACAGCCCTTTGTTAAAGACTTTGAAAGGCC 4260
QY 4426 GCTTGTGATACAAAACCAAAAGCCGCGAGTAACGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCC 4485
Db 4261 GCTTGTGATACAAAACCAAAAGCCGCGAGTAACGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCC 4320
QY 4486 CAAGACCGGTGACCTTTGGAGGGGATACAGGCAACGGCTAAAAAACCTGGGGAGACT 4545
Db 4321 CAAGACCGGTGACCTTTGGAGGGGATACAGGCAACGGCTAAAAAACCTGGGGAGACT 4380
QY 4546 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAAAAGACAGACCAATTAAGCTAAACGTAATAACATCGGTG 4605
Db 4381 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAAAAGACAGACCAATTAAGCTAAACGTAATAACATCGGTG 4440
QY 4606 GTAGCAGGTACTGATGGCTTCACGTGTAAACTTGGCAAAGCCTAACCAATCTTAACAGC 4665
Db 4441 GTAGCAGGTACTGATGGCTTCACGTGTAAACTTGGCAAAGCCTAACCAATCTTAACAGC 4500
QY 4666 GTTAATGACAGGTGGACCAAAATTAATGATGACAAAGGCGCTGTTTGTAGACTCAAGGGGT 4725
Db 4501 GTTAATGACAGGTGGACCAAAATTAATGATGACAAAGGCGCTGTTTGTAGACTCAAGGGGT 4560
QY 4726 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGTCTAAGTGCCTAAGGGCTGACCTGGGTGGCAAGGTC 4785
Db 4561 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGTCTAAGTGCCTAAGGGCTGACCTGGGTGGCAAGGTC 4620
QY 4786 ATAGATATGTGGGCAAAAGGACAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAACTTAAC 4845
Db 4621 ATAGATATGTGGGCAAAAGGACAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAACTTAAC 4680
QY 4846 GAAGTACGCAACTGTTGGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGCTGTAAAGGCGGCAATCAG 4905
Db 4681 GAAGTACGCAACTGTTGGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGCTGTAAAGGCGGCAATCAG 4740
QY 4906 GTAACATTCGCCGACATCAAAAAGAGACCAAAATTCAGTTTCATCATTAACCGCAGTGC 4965
Db 4741 GTAACATTCGCCGACATCAAAAAGAGACCAAAATTCAGTTTCATCATTAACCGCAGTGC 4800
QY 4966 ATCAAAAGCAGGACAGGTAATGCTGGGCTAAAGGTAATACGTAACCGAAAACTGGCACT 5025
Db 4801 ATCAAAAGCAGGACAGGTAATGCTGGGCTAAAGGTAATACGTAACCGAAAACTGGCACT 4860
QY 5026 GGTGTATACAAAGTGGGCTGATGAAGACGCGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTT 5085
Db 4861 GGTGTATACAAAGTGGGCTGATGAAGACGCGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTT 4920
QY 5086 TGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCAGCTTATTAACGCGCA 5145
Db 4921 TGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCAGCTTATTAACGCGCA 4980
QY 5146 GGTCAAGCAACTATTTGGACCAACACCCGCGAGAACGCTATGACAGATTAATGAACAA 5205
Db 4981 GGTCAAGCAACTATTTGGACCAACACCCGCGAGAACGCTATGACAGATTAATGAACAA 5040
QY 5206 GGTATCCGCTTCTTCATGTCAAGATGCGCAATCAAGAGCTGAGTACAAAGGCGTAAC 5265
Db 5041 GGTATCCGCTTCTTCATGTCAAGATGCGCAATCAAGAGCTGAGTACAAAGGCGTAAC 5100
QY 5266 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCACTGCGATAGGTTTCCAGGCGCAAGGCA 5325
Db 5101 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCACTGCGATAGGTTTCCAGGCGCAAGGCA 5160
QY 5326 GATGTGTAAGCCCGCTTGGCATATGCGACAGCAAAACCAAGCAGCAACCAATCATGCC 5385
Db 5161 GATGTGTAAGCCCGCTTGGCATATGCGACAGCAAAACCAAGCAGCAACCAATCATGCC 5220
QY 5386 ATGGGTATACGACAGGACAGGCGGATCAATTCATGCGATCGGTACAGGCAAGGTG 5445
Db 5221 ATGGGTATACGACAGGACAGGCGGATCAATTCATGCGATCGGTACAGGCAAGGTG 5280
QY 5446 GTAGCAGGTAAAGCACTGTGGTGCATGCGAGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGT 5505
|||||
```

```
Db 5281 GTACAGGTAAAGCACTGTGTCATCGGACCGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGT 5340
QY 5506 TACAGTGTGGGTATTAACCAACCACTTTACCGATGCGACTCAACCGGATGTCTTGGGTG 5565
Db 5541 TACAGTGTGGGTATTAACCAACCACTTTACCGATGCGACTCAACCGGATGTCTTGGGTG 5400
QY 5566 GGCATTAACATCACCGTACCGAAGTAACGCGGTGGCTTAAGGTTCAAACTCGGCATC 5625
Db 5401 GGCATTAACATCACCGTACCGAAGTAACGCGGTGGCTTAAGGTTCAAACTCGGCATC 5460
QY 5626 AGTGCAGCACACAGCAGCAGCAACAAGCCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAAC 5685
Db 5461 AGTGCAGCACACAGCAGCAGCAGCAACAAGCCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAAC 5520
QY 5686 ACCACAGCAGGTGCAACCGGTACCGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAAGCGCGGTGGTGGC 5745
Db 5521 ACCACAGCAGGTGCAACCGGTACCGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAAGCGCGGTGGTGGC 5580
QY 5746 GTCTCCGTGGGTGCTGAGTGTGAAGCGCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTG 5805
Db 5581 GTCTCCGTGGGTGCTGAGTGTGAAGCGCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTG 5640
QY 5806 AGTGCACACAGCAGCAGTGGTCAATGTGAGCCAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTT 5865
Db 5641 AGTGCACACAGCAGCAGTGGTCAATGTGAGCCAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTT 5700
QY 5866 GCCAAGCGCAACCATGAGCTTGACCATGTGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCA 5925
Db 5701 GCCAAGCGCAACCATGAGCTTGACCATGTGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCA 5760
QY 5926 GGGATTTTCATCAGCAGGATGGCGATGGCGTCCATGCGCACAAAGCCTCATTCCTGGCAGATCC 5985
Db 5761 GGGATTTTCATCAGCAGGATGGCGATGGCGTCCATGCGCACAAAGCCTCATTCCTGGCAGATCC 5820
QY 5986 ATGGTTACCGGGGTATTTCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGGGACTGTGCG 6045
Db 5821 ATGGTTACCGGGGTATTTCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGGGACTGTGCG 5880
QY 6046 AAGCTGTGCGATTAATGTCATGGGTATTTAAATTCATAGTTTCAGCCGATACCAAGGC 6105
Db 5881 AAGCTGTGCGATTAATGTCATGGGTATTTAAATTCATAGTTTCAGCCGATACCAAGGC 5940
QY 6106 CATGTAGGGCGGAGTTGTTGTCAGGTTTCACTTT 6141
Db 5941 CATGTAGGGCGGAGTTGTTGTCAGGTTTCACTTT 5976

RESULT 6
AAF59106
ID AAF59106 standard; DNA; 6259 BP.
XX
AC AAF59106;
XX
DT 24-APR-2001 (first entry)
XX
DE M. catarrhalis M56 200kDa gene ln pks348 seq ID NO:12.
XX
KW Moraxella catarrhalis strain 08; major outer membrane protein;
KW 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
KW otitis media; detection; ds.
XX
OS Moraxella catarrhalis.
XX
PN W0200107619-A1.
XX
PD 01-FEB-2001.
XX
PF 26-JUL-2000; 2000MO-CAN00870.
XX
PR 27-JUL-1999; 9905-0361619.
XX
PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX
```

PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH:
XX WPI; 2001-159722/16.
DR P-PSDB: AAB69127.
XX
PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
XX useful in protective vaccines and for diagnosis -
XX
PS Claim 1: Fig 8A-V; 247pp: English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II)', and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis M56 200kDa gene in pKS348, which is given in the
CC exemplification of the present invention.
XX
SQ Sequence 6259 BP; 2067 A; 1414 C; 1393 G; 1385 T; 0 other:
Query Match 97.3%; Score 5975; DB 22; Length 6259;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5975; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 167 TGATCGGTGCAACGCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG 226
DB 2 TGATCGGTGCAACGCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG 61
QY 227 CAATTGGGAACAACACGAGCCAGAGCGCTAGCGACTGCGCAAGCGGAGCGGTGATCG 286
DB 62 CAATTGGGAACAACACGAGCCAGAGCGCTAGCGACTGCGCAAGCGGAGCGGTGATCG 121
QY 287 CCATTGCTATTGGTGAATAATGCTTAACGACAGCGCGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTA 346
DB 122 CCATTGCTATTGGTGAATAATGCTTAACGACAGCGCGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTA 181
QY 347 GTAATAAAGCTGCAATGGAAGAGGTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAG 406
DB 182 GTAATAAAGCTGCAATGGAAGAGGTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAG 241
QY 407 AGTCCATGCGCATCGGTGATGTAAGAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTGTA 466
DB 242 AGTCCATGCGCATCGGTGATGTAAGAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATTCGGTGTA 301
QY 467 GTGATGACTTACATTTGCTGTGATCAGCATGTAATCCTTAACATCGAAGGTACTCTGA 526
DB 302 GTGATGACTTACATTTGCTGTGATCAGCATGTAATCCTTAACATCGAAGGTACTCTGA 361
QY 527 TTAACGATCTTTTAACGCGCATGCAATTAATTAAGAAATACGAAGCTCAAGGTAATG 586
DB 362 TTAACGATCTTTTAACGCGCATGCAATTAATTAAGAAATACGAAGCTCAAGGTAATG 421
QY 587 ATGTAATAATATAGCGACACACGCGAAGCGGAGCGGCACTACTGAGGGAGGAGCATGT 646
DB 422 ATGTAATAATATAGCGACACACGCGAAGCGGAGCGGCACTACTGAGGGAGGAGCATGT 481
QY 647 CAATATGACAGGGGTCAATTTTTCACGCTTGTGTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCCT 706
DB 482 CAATATGACAGGGGTCAATTTTTCACGCTTGTGTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCCT 541
QY 707 ATTCTTTGGCAGTGGTCTTTGCCGACACAGCGAGGGCCAAATCTACAATCGCTATTGGTT 766
DB 542 ATTCTTTGGCAGTGGTCTTTGCCGACACAGCGAGGGCCAAATCTACAATCGCTATTGGTT 601
QY 767 CTGATGACACATCTAGCTGCTTGGAGGCAATACCCCTTGGTGCAGTACTCGTCTACG 826

DB 602 CTGATGACACATCTAGCTGCTTGGAGGCAATACCCCTTGGTGCAGTACTCGTCTACG 661
QY 827 TACAGGCGAGTATGCGCTTGAAGGTCTGTGTCACTCAGAGTATTAATTTCA 886
DB 662 TACAGGCGAGTATGCGCTTGAAGGTCTGTGTCACTCAGAGTATTAATTTCA 721
QY 887 GACCGGCTATACCAAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAATA 946
DB 722 GACCGGCTATACCAAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAATA 781
QY 947 CGAAGGCGGCTCAGCTTTCATTTGTTAGTATCTATCAACAGTAAATCATATGTG 1006
DB 782 CGAAGGCGGCTCAGCTTTCATTTGTTAGTATCTATCAACAGTAAATCATATGTG 841
QY 1007 GTGCAAGTGTTAATAAACCAGTACGCGTATGCGACAGCTGAAGCGGTGAGT 1066
DB 842 GTGCAAGTGTTAATAAACCAGTACGCGTATGCGACAGCTGAAGCGGTGAGT 901
QY 1067 GGGCTAAGGAGGTGATTAATTTTCAAGGTGATTAACAGTATGACGTAAATAATAG 1126
DB 902 GGGCTAAGGAGGTGATTAATTTTCAAGGTGATTAACAGTATGACGTAAATAATAG 961
QY 1127 GTTGGATTAATCTTTAATTAAGTGTGCGAGAGCCAAAGCCATTAACGATATA 1186
DB 962 GTTGGATTAATCTTTAATTAAGTGTGCGAGAGCCAAAGCCATTAACGATATA 1021
QY 1187 ATATCGGTGTGTAATAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTAAACTT 1246
DB 1022 ATATCGGTGTGTAATAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTAAACTT 1081
QY 1247 TAAACATCTTACTAGTGAATTAACATTAATTAATTAAGCCAGTAAAGTAG 1306
DB 1082 TAAACATCTTACTAGTGAATTAACATTAATTAATTAAGCCAGTAAAGTAG 1141
QY 1307 GTAGTGTGTGTGTACTAGTGAATTAATTAAGTGTGTAACTTAACTTAACTTAACTT 1366
DB 1142 GTAGTGTGTGTGTACTAGTGAATTAATTAAGTGTGTAACTTAACTTAACTTAACTT 1201
QY 1367 ATACAGGAGTCAACAGCACAAAGCAAAACCGTCTATGCGGTTAATGGGTAAGTTACTA 1426
DB 1202 ATACAGGAGTCAACAGCACAAAGCAAAACCGTCTATGCGGTTAATGGGTAAGTTACTA 1261
QY 1427 ATATGAGAGAAACACAGACAGCAATGCGCACTACTGTATTAACAGAGTAAATTTGCT 1486
DB 1262 ATATGAGAGAAACACAGACAGCAATGCGCACTACTGTATTAACAGAGTAAATTTGCT 1321
QY 1487 TTGCTGAGATGTGTATGTTGATGAATAAACAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATT 1546
DB 1322 TTGCTGAGATGTGTATGTTGATGAATAAACAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATT 1381
QY 1547 AAGTGGGTACTGTGCAATTAACATAGCAATGCAATGCAATGATGAGGTAAATAAAGATCA 1606
DB 1382 AAGTGGGTACTGTGCAATTAACATAGCAATGCAATGCAATGATGAGGTAAATAAAGATCA 1441
QY 1607 GTAATCTTGGCAAAAGTAGCAGTGTACAGTACGCTTACATCGAAGCTCAAAAGCCG 1666
DB 1442 GTAATCTTGGCAAAAGTAGCAGTGTACAGTACGCTTACATCGAAGCTCAAAAGCCG 1501
QY 1667 CCAAGCTACTTTTAACAGCAGGCGGTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1726
DB 1502 CCAAGCTACTTTTAACAGCAGGCGGTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1561
QY 1727 ATGCTAAGAGTGGCAATGTTACCGCCCAACTTAACATATGCGGTGAATAACAGCAGAG 1786
DB 1562 ATGCTAAGAGTGGCAATGTTACCGCCCAACTTAACATATGCGGTGAATAACAGCAGAG 1621
QY 1787 TTAACAGTATGACAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTA 1846
DB 1622 TTAACAGTATGACAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTA 1681
QY 1847 TAGCTAACCGGCAATTTGGCAGGCTATCTAAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGTG 1906

Db 1682 TAGTACCCCGACACATTTGGCAGCTATCTAAATGAACTCAATCGAACGGCTGACAGTG 1741
OY 1907 CTTCAACAAAGCTTTACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGGCAACGGCTATCACCGCTGG 1966
Db 1742 CTTCAACAAAGCTTTACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGGCAACGGCTATCACCGCTGG 1801
OY 1967 CTTAAAGATACGACAAATAATGCGGCGCAGTCAGCATCTTTAAAACTCAAAAGGTAATAAAG 2026
Db 1802 CTTAAAGATACGACAAATAATGCGGCGCAGTCAGCATCTTTAAAACTCAAAAGGTAATAAAG 1861
OY 2027 GTCTAACGGTGTCTACCAAAAAAGATGTAAGCTTTGGGCTTACGCAAGATAGCG 2086
Db 1862 GTCTAACGGTGTCTACCAAAAAAGATGTAAGCTTTGGGCTTACGCAAGATAGCG 1921
OY 2087 GTCTGACATTTGGCAAAAGCACCCCTAACAAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAG 2146
Db 1922 GTCTGACATTTGGCAAAAGCACCCCTAACAAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAG 1981
OY 2147 AACCAATCCAAAGTGGGTGCTAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAG 2206
Db 1982 AACCAATCCAAAGTGGGTGCTAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAG 2041
OY 2207 GTACTGGCATTTGCAATTAACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATGGCTTTGCTGTTCTG 2266
Db 2042 GTACTGGCATTTGCAATTAACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATGGCTTTGCTGTTCTG 2101
OY 2267 ATGGTGCATTTGATCAAAACAACTTATCTGATCAACAGCATGACAAAGTTGGCAATG 2326
Db 2102 ATGGTGCATTTGATCAAAACAACTTATCTGATCAACAGCATGACAAAGTTGGCAATG 2161
OY 2327 TTTAAGATTCAACAACATGGCATTTAACGCAAGTGGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTCCCAA 2386
Db 2162 TTTAAGATTCAACAACATGGCATTTAACGCAAGTGGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTCCCAA 2221
OY 2387 CACTGCTGTGCATTTGCCGATCAAGTAGAGCCGACATAGACTGGCCTAATACATCCAG 2446
Db 2222 CACTGCTGTGCATTTGCCGATCAAGTAGAGCCGACATAGACTGGCCTAATACATCCAG 2281
OY 2447 ACAAAACAAATTCCAACGGTGGCAGCATTAATGATATTTAATTAAGGTTAACTTA 2506
Db 2282 ACAAAACAAATTCCAACGGTGGCAGCATTAATGATATTTAATTAAGGTTAACTTA 2341
OY 2507 AAAATTAATAACAACCCCATTTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAATG 2566
Db 2342 AAAATTAATAACAACCCCATTTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAATG 2401
OY 2567 GCAATGCCACACCGCCACAGTAACCATGATACCGCTAACAACAGTAAGTGGTAT 2626
Db 2402 GCAATGCCACACCGCCACAGTAACCATGATACCGCTAACAACAGTAAGTGGTAT 2461
OY 2627 ATGATGTGAATGTGATGATACCAACCATTCATCTAAGGCACTGATGCAATAAATAAANC 2686
Db 2462 ATGATGTGAATGTGATGATACCAACCATTCATCTAAGGCACTGATGCAATAAATAAANC 2521
OY 2687 TTGGCCTCAAAAACCAACTGTAACAAAACAAGTCTAATGTTAATACAGCAACTAAT 2746
Db 2522 TTGGCCTCAAAAACCAACTGTAACAAAACAAGTCTAATGTTAATACAGCAACTAAT 2581
OY 2747 TTTAATGTAACTCTAGTGAATGATGCCCTTGTAAAGCCCAAAAGACATGCCGAAATTC 2806
Db 2582 TTTAATGTAACTCTAGTGAATGATGCCCTTGTAAAGCCCAAAAGACATGCCGAAATTC 2641
OY 2807 TTAACACCTTAGCAAGAAATTCACACCAACCAAGGACAGACAGACCGCCCTTCAAA 2866
Db 2642 TTAACACCTTAGCAAGAAATTCACACCAACCAAGGACAGACAGACCGCCCTTCAAA 2701
OY 2867 CCTTTACCGTTAAAAAGTAGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCCATCACCG 2926
Db 2702 CCTTTACCGTTAAAAAGTAGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCCATCACCG 2761
OY 2927 TGGGTCAAAAAGACGCAAAATTAATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAAAGTGAAGCGT 2986
Db 2762 TGGGTCAAAAAGACGCAAAATTAATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAAAGTGAAGCGT 2821

OY 2987 TTTAATTTAAAAACGACAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGT 3046
Db 2822 TTTAATTTAAAAACGACAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGT 2881
OY 3047 TTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAAGACGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCATGTGA 3106
Db 2882 TTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAAGACGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCATGTGA 2941
OY 3107 GCGAACAAATCCAAAGTCGGTGGTGAATGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATAGGTG 3166
Db 2942 GCGAACAAATCCAAAGTCGGTGGTGAATGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATAGGTG 3001
OY 3167 TTGTAGTGTGTCATTTGATGGCACAACCTGCAATTAACAGATGAAATGGCTTACTG 3226
Db 3002 TTGTAGTGTGTCATTTGATGGCACAACCTGCAATTAACAGATGAAATGGCTTACTG 3061
OY 3227 GCACTAATGGCTCATTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGACGATTAAACGAG 3286
Db 3062 GCACTAATGGCTCATTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGACGATTAAACGAG 3121
OY 3287 GTGCTAAAAAGATTACCAACATTCATCAGTGAATGGCCCAAAACGACATGATGCTG 3346
Db 3122 GTGCTAAAAAGATTACCAACATTCATCAGTGAATGGCCCAAAACGACATGATGCTG 3181
OY 3347 TGACAGGGCGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAACCAAAATCAGCAGTACTG 3406
Db 3182 TGACAGGGCGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAACCAAAATCAGCAGTACTG 3241
OY 3407 CCAAAACAGCACAAACCTCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAAT 3466
Db 3242 CCAAAACAGCACAAACCTCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAAT 3301
OY 3467 TTTACGGTTAATACCTTACTTCCAGTTATGACACCTCAAAAGACCTGATGATCATACCT 3526
Db 3302 TTTACGGTTAATACCTTACTTCCAGTTATGACACCTCAAAAGACCTGATGATCATACCT 3361
OY 3527 TTGCAGGTGAAGAACGGCATTAACCAACCAAGTAATTAAGTGTGGTGGCGGTGGCATTTG 3586
Db 3362 TTGCAGGTGAAGAACGGCATTAACCAACCAAGTAATTAAGTGTGGTGGCGGTGGCATTTG 3421
OY 3587 ACCAAACCAAAAGCCTTAACACGCTTAAGCTGAACCGTGGTGAATTAATGSCAAAGCA 3646
Db 3422 ACCAAACCAAAAGCCTTAACACGCTTAAGCTGAACCGTGGTGAATTAATTAATGSCAAAGCA 3481
OY 3647 TTGTCAATTGACAGCCAAATGTTCAAAATACCATCACAGCACTTAAGCAACTCTAGCTA 3706
Db 3482 TTGTCAATTGACAGCCAAATGTTCAAAATACCATCACAGCACTTAAGCAACTCTAGCTA 3541
OY 3707 ATGTTACCAATGATTAAGGATGAAGGTGACGACACAGAAACAGGGCAATTAATCAAAAGAG 3766
Db 3542 ATGTTACCAATGATTAAGGATGAAGGTGACGACACAGAAACAGGGCAATTAATCAAAAGAG 3601
OY 3767 AAGACAAAACCCGTGCGCCAGCATTTGATGATGTTAAGCGAGGCTTTAACTTGCAG 3826
Db 3602 AAGACAAAACCCGTGCGCCAGCATTTGATGATGTTAAGCGAGGCTTTAACTTGCAG 3661
OY 3827 GCAATGTTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCA 3886
Db 3662 GCAATGTTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCA 3721
OY 3887 ATGCCACACCGCTAAGGTTACCTATGATGACACCAACCAACAGTAAGTGGTATG 3946
Db 3722 ATGCCACACCGCTAAGGTTACCTATGATGACACCAACCAACAGTAAGTGGTATG 3781
OY 3947 ATGTCAATGTGATGATACCAACCATTTGAAGTAATAAAGTAATAAAGTGGCTAAAAACA 4006
Db 3782 ATGTCAATGTGATGATACCAACCATTTGAAGTAATAAAGTGGCTAAAAACA 3841
OY 4007 CCACATTTGACAGTACTGGCAGAGGTGCTTAATAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTG 4066
Db 3842 CCACATTTGACAGTACTGGCAGAGGTGCTTAATAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTG 3901

Qy	4067	GCgATGCGCTTGTCAAGGCCAGTATATCGTGTGCTATCTAAACACCTATCTGCGGACGA	4126
Db	3902	GCgATGCGCTTGTCAAGGCCAGTATATCGTGTGCTATCTAAACACCTATCTGCGGACGA	3961
Qy	4127	TCCAATGCGCAAAAGGGGCGAACGCCAAGGGAACAACCTAGCAGGCTATGTGATGCTGATG	4186
Db	3962	TCCAATGCGCAAAAGGGGCGAACGCCAAGGGAACAACCTAGCAGGCTATGTGATGCTGATG	4021
Qy	4187	GCAATAGGTCATCTATGACAGTACCGTATACCAAGTACTATCAAGGCCAAAATGATGGCA	4246
Db	4022	GCAATAGGTCATCTATGACAGTACCGTATACCAAGTACTATCAAGGCCAAAATGATGGCA	4081
Qy	4247	CAGTTGATAAAAACCAAAAGAGTTGGCCAAAGACAACCTGGTGCCCAAGCCCAACCCGAG	4306
Db	4082	CAGTTGATAAAAACCAAAAGAGTTGGCCAAAGACAACCTGGTGCCCAAGCCCAACCCGAG	4141
Qy	4307	ATGGCACAATGGCTCAAAATGAATGTCAATCACTGTCATTAAACAAAGAACACTAAATGATG	4366
Db	4142	ATGGCACAATGGCTCAAAATGAATGTCAATCACTGTCATTAAACAAAGAACACTAAATGATG	4201
Qy	4367	CCAATTAAGGAAGCAAGGCATCAATGAAAGCAAGCGCTTGTTAAGAGACTTAAAAAGCCG	4426
Db	4202	CCAATTAAGGAAGCAAGGCATCAATGAAAGCAAGCGCTTGTTAAGAGACTTAAAAAGCCG	4261
Qy	4427	CTTCTGATTAACAAAACCAAAAACGCCGCGAGTACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTGGCC	4486
Db	4262	CTTCTGATTAACAAAACCAAAAACGCCGCGAGTACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTGGCC	4321
Qy	4487	AAACACCGGTGACCTTTGGCAGGGGATACAGGCAACAAGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTT	4546
Db	4322	AAACACCGGTGACCTTTGGCAGGGGATACAGGCAACAAGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTT	4381
Qy	4547	TGACATCAAAAAGGTGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAAACCGATATATACATCGGTGGG	4606
Db	4382	TGACATCAAAAAGGTGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAAATATATATATATATCGGTGGG	4441
Qy	4607	TACAGAGTACTGATGGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCG	4666
Db	4442	TACAGAGTACTGATGGGCTTCACTGTCMAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCG	4501
Qy	4667	TTATATGACAGTGGCACCAAAAATTGATGACAAGCGCTGTCTTTGTGAGACTCAAGGGTTC	4726
Db	4502	TTATATGACAGTGGCACCAAAAATTGATGACAAGCGCTGTCTTTGTGAGACTCAAGGGTTC	4561
Qy	4727	AAGCCAAAGCAAAACCCCGTGTGCTAAAGTCCAAATGGGCGTGGACCTGGGGTGGCAAGTCA	4786
Db	4562	AAGCCAAAGCAAAACCCCGTGTGCTAAAGTCCAAATGGGCGTGGACCTGGGGTGGCAAGTCA	4621
Qy	4787	TCAGTATATGTGGCAAAAGGACAAAAGATACGACGCTGCCAATGTACAACACTTAAAG	4846
Db	4622	TCAGTATATGTGGCAAAAGGACAAAAGATACGACGCTGCCAATGTACAACACTTAAAG	4681
Qy	4847	AAGTACGCACTTTTGGGTCTTGGTAAATGCTGGTAAATGATTAAGCGTACGGGCAATACAG	4906
Db	4682	AAGTACGCACTTTTGGGTCTTGGTAAATGCTGGTAAATGATTAAGCGTACGGGCAATACAG	4741
Qy	4907	TAAACATTTGGCGACATCAAAAAMAAACCCCAATTCAGTTATCATCTTAACCGCACTGTCA	4966
Db	4742	TAAACATTTGGCGACATCAAAAAMAAACCCCAATTCAGTTATCATCTTAACCGCACTGTCA	4801
Qy	4967	TCAAAGCAGGCAAGGCTACTTGGCGGTAAAGTATTAACGATACGGAAGAAAACCTGGCCACTG	5026
Db	4802	TCAAAGCAGGCAAGGCTACTTGGCGGTAAAGTATTAACGATACGGAAGAAAACCTGGCCACTG	4861
Qy	5027	GTGCTATATCAAGTGGGCGGTGGTAAAGACGGCAACGCTTAACGGGCGATTTAAGCAATGTT	5086
Db	4862	GTGCTATATCAAGTGGGCGGTGGTAAAGACGGCAACGCTTAACGGGCGATTTAAGCAATGTT	4921
Qy	5087	GGGTAAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTCTGCGCACTTATTAAGCCCGCAG	5146
Db	4922	GGGTAAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTCTGCGCACTTATTAAGCCCGCAG	4981
Qy	5147	GTGACAGCAACTATTTTGAACCAACAACCCCGCAGAAAGCCATTTGACGAGTATTAATGAACAAG	5206

Db	4982	GTGAGACCAACTATTTGGACCAACACCCCGACAGACCATTTGACAGATTAATGAACAG	5041
Qy	5207	GTATCCGCTTTCTTCATGTCACAGATGGCAATCAAGAAGCTGTGTACAGAGGCGTAACG	5266
Db	5042	GTATCCGCTTTCTTCATGTCACAGATGGCAATCAAGAAGCTGTGTACAGAGGCGTAACG	5101
Qy	5267	GCAATTGACTAGAGTGCCTTAGGCAAGCACTCAGTGGGAGTAAGTTTCCAGGCCAAGGAG	5326
Db	5102	GCAATTGACTAGAGTGCCTTAGGCAAGCACTCAGTGGGAGTAAGTTTCCAGGCCAAGGAG	5161
Qy	5327	ATGGTGAAGCCGCGCTTGGCATAGGACACAAACCCAAAGGCAACCAATCATGCCA	5386
Db	5162	ATGGTGAAGCCGCGCTTGGCATAGGACACAAACCCAAAGGCAACCAATCATGCCA	5221
Qy	5387	TCGGTGTAAACGACAAAGCCAGGGCGATCAATCATCTCGCATCGGTACAGGCATGTGG	5446
Db	5222	TCGGTGTAAACGACAAAGCCAGGGCGATCAATCATCTCGCATCGGTACAGGCATGTGG	5281
Qy	5447	TAGAGGTAAAGCACTCTGGGCACTCGGGCAACCCAAAGCACTGTTAAAGCGATACAGTT	5506
Db	5282	TAGAGGTAAAGCACTCTGGGCACTCGGGCAACCCAAAGCACTGTTAAAGCGATACAGTT	5341
Qy	5507	ACAGTGTGGGTAATTAACAACCAAGTTTACCGATGCATCTCAACCGATGTCTTGGGTGG	5566
Db	5342	ACAGTGTGGGTAATTAACAACCAAGTTTACCGATGCATCTCAACCGATGTCTTGGGTGG	5401
Qy	5567	GCAATTAACATACCGGTGACCGGAAGTAATCGTGTGCTTGGTTAGTTCAACTCTGCATCA	5626
Db	5402	GCAATTAACATACCGGTGACCGGAAGTAATCGTGTGCTTGGTTAGTTCAACTCTGCATCA	5461
Qy	5627	GTGCGAGCACACACGACGAGGCACACAAAGCCAAAATCTGACGGGCAAGAGGTACAAACG	5686
Db	5462	GTGCGAGCACACACGAGCGAGGCACACAAAGCCAAAATCTGACGGGCAAGAGGTACAAACG	5521
Qy	5687	CCACAGCGAGGACCAACCGGTACGGTTAAAGGGCTTGTGGACAAACCGCGCTTGGTCGG	5746
Db	5522	CCACAGCGAGGACCAACCGGTACGGTTAAAGGGCTTGTGGACAAACCGCGCTTGGTCGG	5581
Qy	5747	TCTCCGTGGTGCTCAGAGTGCTGAAGCCGCTATCCAAATCTGGCAGCAGGTAGGTCA	5806
Db	5582	TCTCCGTGGTGCTCAGAGTGCTGAAGCCGCTATCCAAATCTGGCAGCAGGTAGGTCA	5641
Qy	5807	GTGCGACCAAGCAACGATGCGGTCAATGTAGTCAGTGTGACAAACCCCAAGCAATG	5866
Db	5642	GTGCGACCAAGCAACGATGCGGTCAATGTAGTCAGTGTGACAAACCCCAAGCAATG	5701
Qy	5867	CCAAAGCAACCAATGAGCTTGACATCTGATCAACCAAAACGAAATTAAGCGCAATGAG	5926
Db	5702	CCAAAGCAACCAATGAGCTTGACATCTGATCAACCAAAACGAAATTAAGCGCAATGAG	5761
Qy	5927	GGATTTTCATACAGATGGCGATGGCGATGCGTCAAGCGCTTACATTCCTGTGGCAGATCCA	5986
Db	5762	GGATTTTCATACAGATGGCGATGGCGATGCGTCAAGCGCTTACATTCCTGTGGCAGATCCA	5821
Qy	5987	TGGTTACCGCGGGTATTGCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGTGGCGATGGGACATGTGCA	6046
Db	5822	TGGTTACCGCGGGTATTGCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGTGGCGATGGGACATGTGCA	5881
Qy	6047	AGCTGTGCGATATGTGTCAATGGGTATTAATCAATGGTTAGGCGATATACCAAGGCC	6106
Db	5882	AGCTGTGCGATATGTGTCAATGGGTATTAATCAATGGTTAGGCGATATACCAAGGCC	5941
Qy	6107	ATGTAGGAGCGGCGATGTGTGAGAGTTTCACTTT 6141	
Db	5942	ATGTAGGAGCGGCGATGTGTGAGAGTTTCACTTT 5976	
RESULT 7			
AAFS9104			
ID AAF59104 standard; DNA; 6159 BP.			
XX			
AC AAF59104			

RESULT	7
AAAF59104	
ID	AAAF59104 standard; DNA; 6159 BP
XX	
AC	AAAF59104;

Db 1339 TTGACCTTTAGCC-----CAATTAACAGGTACAAACACAGATTAACCGTCTACAGCAT 1392
Oy 1408 AATGGGAGATTACTTAATATGCAAGAAACACAGCATGCGACTACTCGATT 1467
Db 1393 GATGATTTGAAGTTACTATATAGTATAGTATAGCACTAAAGGTACTACCGATT 1452
Oy 1468 ACCAGATTAATTTGGCTTGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1527
Db 1453 ACCAAAGAAAGAAATGTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1512
Oy 1528 TTGGATTAAGAAACACTTAAGTGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1587
Db 1513 CTGGACAAAGAAACCTTAAGTTGGCAACAGACCCCTAAACAGTGTGTGTGTGT 1572
Oy 1588 GCAGTAAATTAAGATCAGTATCTTGTGCAATGTACAGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1647
Db 1573 AATTAACACCTGTGTAAATTAACAAATCAAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1632
Oy 1648 ATCGAAGACCTCAAGCCGCAAGCTTACTTTAAACGCGGCTGTGTGTGTGTGTGT 1707
Db 1633 GTGCTTAATATTTGTGCAATATCTACAGACAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1692
Oy 1708 CCTACTGAATATCACTGTATGCTTAAGATGCGCATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1765
Db 1693 AAATTTGT 1752
Oy 1766 -----TTGGCGTGAAGAACCAACGAGCTTAACAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1818
Db 1753 GAACGACTTAAGTGGT 1812
Oy 1819 GTTAAGGATGT 1878
Db 1813 CACAAGATTACCGGACTTACTTAATGTATGCAAAATACGATGCGGTGTGTGTGTGT 1872
Oy 1879 AATGAAGTCAATGGAACGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1938
Db 1873 CTCAAAAGCCCAAGCTTACTTAAGCGGAGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1932
Oy 1939 GATGATGACG-----CAACCGCTATACCGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1968
Db 1933 GGGGATCTAGT 1992
Oy 1969 AAGATACGCAAAATAATGCGGGGCGAGTCAGCATCTTAACCTCAAGGTAAAGAGGT 2028
Db 1993 ACCACTAAGCTTAACAGTATGACCAAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2052
Oy 2029 CTAAACGTTGTCTCAAAAGAAAGATGTACGTTACCTTTGGGCTGTGTGTGTGTGT 2088
Db 2053 CATGATTAACATAGCTTAGTACCGCAAGATTTGGCAGACTATCTTAATTAAGTCAAT 2112
Oy 2089 CTGACCATTTGCCAAAGACCCCTTAACACAGATGGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2148
Db 2113 GAACCGGT 2172
Oy 2149 CAATTCACAGT 2208
Db 2173 GCCATACCGGT 2232
Oy 2209 ACTGCGATTTGCCAAATACCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2265
Db 2233 GAACCGGT 2292
Oy 2266 GATGTGTGAGTGTATC-----AAACAACCTTATCTGTATCAAGCAAGCTA--CAA 2316
Db 2293 CAAATTAATGT 2352
Oy 2317 GTTGGCAATGTATAGATTACCAACACTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2376
Db 2353 TTGGTATTATGACCAAGT 2412
Oy 2377 GTGTCCCAACACTGT 2436

Db 2413 TTGTCCCAACACTGT 2472
Oy 2437 ACAATTCAGACAAAGACAAATTCAGACGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2496
Db 2473 ACATATGAGAAAGAAAGACAAATTCAGACGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2532
Oy 2497 TTTAACCCTAAATTAATTAACAAACCCATTTGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2556
Db 2533 TTTAACCCTAAATTAATTAACAAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 2592
Oy 2557 TTTGGCAATGT 2616
Db 2593 TTTATGTATGT 2652
Oy 2617 AAAGTGTATATGT 2676
Db 2653 AAAGT 2712
Oy 2677 AATTAAGAACTGT 2736
Db 2713 AAGAAACACTGT 2772
Oy 2737 GCAACTAATTTATGT 2796
Db 2773 AC-----TACATTTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2823
Oy 2797 GCGAATATCTTAACACCTGT 2856
Db 2824 GCGGCAATCTTAACACCTGT 2883
Oy 2857 GCGCTACAAACCTTTACCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2916
Db 2884 GCGCTACAAACCTTTACCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2943
Oy 2917 GCGATCACCGT 2976
Db 2944 GCGATCACCGT 3003
Oy 2977 GAAGAGCTTTATATTTAAACCGCAAAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3036
Db 3004 AAAGAGCTTTATATTTAAACCGCAAAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3063
Oy 3037 ACAGCGGT 3093
Db 3064 CAAGCGGT 3123
Oy 3094 AACCCACTGT 3153
Db 3124 AACCCGCTGT 3182
Oy 3154 AATTAATATGT 3213
Db 3183 --TAATTAATGT 3240
Oy 3214 ATTTGCTTTACTGT 3273
Db 3241 ATTTGCTTTACTGT 3300
Oy 3274 GGCATTAACGCGGT 3333
Db 3301 GGCATTAACGCGGT 3360
Oy 3334 AGCGATGATGT 3393
Db 3361 AGCGATGATGT 3420
Oy 3394 ATCAGGAGTATGT 3453
Db 3421 ATCAGGAGTATGT 3480
Oy 3454 CAAGTATATATGT 3513
Db 3481 CAAGTATATATGT 3540

QY 3514 GATGTCATCACTTTTGACAGTGAAGAAAGGCATTACCACCAAGGTAATAAGGTGTGTG 3573
|||||
Db 3541 GATGTCATCACTTTTGACAGTGAAGAAAGGCATTACCACCAAGGTAATAAGGTGTGTG 3600
QY 3574 CGTGTGGCATTTGACAAACCAAGGCTTAACCAAGCCTTAAGCTGACCGGTGAATTAAT 3633
|||||
Db 3601 CGTGTGGCATTTGACAAACCAAGGCTTAACCAAGCCTTAAGCTGACCGGTGAATTAAT 3660
QY 3634 AATGGCAAGGCAATTTGTCATTTGACAGCAAAATGGTCAAAATACCATACAGAGACTTAAGC 3693
|||||
Db 3661 AATGGCAAGGCAATTTGTCATTTAAGCCCAAAATGGTCAAAATACCATACAGAGACTTAAGC 3720
QY 3694 AACACTGAGCTAATGTTTACCAATGATTAAGGTAGGCTAGCAGCAACAGAGAGGCAAT 3753
|||||
Db 3721 AACACTGAGCTAATGTTTACCAATGATTAAGGTAGGCTAGCAGCAACAGAGAGGCAAT 3780
QY 3754 ATAATCAAGAGCAAGACAAACCCGTCGCCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGC 3813
Db 3781 ATAATCAAGAGCAAGACAAACCCGTCGCCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGC 3840
QY 3814 TTTAACTTGAAGGCAATGGTGAAGGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAAC 3873
|||||
Db 3841 TTTAACTTGAAGGCAATGGTGAAGGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAAC 3900
QY 3874 TTTGCCGATGGCAATGTCACACCGCTAAGGTAGCTATGATGACACCAAGCAAAACCGAT 3933
|||||
Db 3901 TTTGCCGATGGCAATGTCACACCGCTAAGGTAGCTATGATGACACCAAGCAAAACCGAT 3960
QY 3934 AAAGGTCTATGATGTCAATGTGATGATATCAACCAATGGAAGTTAAAGTAAATAAACTT 3993
Db 3961 AAAGGTCTATGATGTCAATGTGATGATATCAACCAATGGAAGTTAAAGTAAATAAACTT 4020
QY 3994 GGGGTAAAAACCCACATTTGACAGTACTGACAGAGTCTAATAATTTGGCCCTAAGC 4053
|||||
Db 4021 GGGGTAAAAACCCACATTTGACAGTACTGACAGAGTCTAATAATTTGGCCCTAAGC 4080
QY 4054 AATCAAGCTACTGGCATGGCTTTGTCAAGGCCAGTGAATTCGTCGTCATCAACACG 4113
Db 4081 AATCAAGCTACTGGCATGGCTTTGTCAAGGCCAGTGAATTCGTCGTCATCAACACG 4140
QY 4114 TTATCTGGGACATCCAAACTGCCAAAGGGGCAAGGCCAAGCAACAACCTGAGAGGCTAT 4173
Db 4141 TTATCTGGGACATCCAAACTGCCAAAGGGGCAAGGCCAAGCAACAACCTGAGAGGCTAT 4200
QY 4174 GTGGATGCTGATGGCAATTAAGTCACTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCC 4233
|||||
Db 4201 GTGGATGCTGATGGCAATTAAGTCACTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCC 4260
QY 4234 AAAATGATGGACAGTGTGATTAACCAAAAGAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCGCCCA 4293
Db 4261 AAAATGATGGACAGTGTGATTAACCAAAAGAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCGCCCA 4320
QY 4294 GCCCAAAACCCAGATGGACATTTGGCTCAAAATGTCAAATCAGTCATTAACAAGAA 4353
Db 4321 GCCCAAAACCCAGATGGACATTTGGCTCAAAATGTCAAATCAGTCATTAACAAGAA 4380
QY 4354 CAAGTAAATGATGCCAATTAAGCAAGGCTAATGAGAGCAAGGCTTTGTTAAAGGA 4413
|||||
Db 4381 CAAGTAAATGATGCCAATTAAGCAAGGCTAATGAGAGCAAGGCTTTGTTAAAGGA 4440
QY 4414 CTGGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAGAGCCGACAGTAACTGGGGGATTTA 4473
|||||
Db 4441 CTGGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAGAGCCGACAGTAACTGGGGGATTTA 4500
QY 4474 AATGCGGTGGCCAAACACCGCTGACCTTTGACAGGGGATACAGGCAACAGGCTAAAAA 4533
Db 4501 AATGCGGTGGCCAAACACCGCTGACCTTTGACAGGGGATACAGGCAACAGGCTAAAAA 4560
QY 4534 CTGGGGAGAGCTTTGACATCAAGAGTGGGCAACAGACCAATAAGCTTAACCGATTAAT 4593
|||||
Db 4561 CTGGGGAGAGCTTTGACATCAAGAGTGGGCAACAGACCAATAAGCTTAACCGATTAAT 4620

QY 4594 AACATCGGTGTGTAGCAGCTACTGATGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGACCTTAAC 4653
|||||
Db 4621 AACATCGGTGTGTAGCAGCTACTGATGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGACCTTAAC 4680
QY 4654 AATCTTAACAGCTTAAATGAGGTGGCACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGA 4713
|||||
Db 4681 AATCTTAACAGCTTAAATGAGGTGGCACCAAAATTGATGACAAAGGCGATCTCTTTTGA 4740
QY 4714 GACTCAAGGGGTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGTAGTGGCAATGGGCTGGACTTG 4773
|||||
Db 4741 GACGCAACGCTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGTAGTGGCAATGGGCTGGACTTG 4800
QY 4774 GGTGGCAAGGTCACTAGTAAATGTGGGCAAGGCAACAAAGATACCGGCTGGCAATGTA 4833
|||||
Db 4801 GGTGGCAAGGTCACTAGTAAATGTGGGCAAGGCAACAAAGATACCGGCTGGCAATGTA 4860
QY 4834 CAACAGTTAAAGCAAGTACGCAACTTGGTGGTCTTGGTAAATGCTGTGAATGATTAACGCT 4893
Db 4861 CAACAGTTAAAGCAAGTACGCAACTTGGTGGTCTTGGTAAATGCTGTGAATGATTAACGCT 4911
QY 4894 GAGGGCAATCAGTTAAACATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCCAATTAAGTTCATCTCT 4953
|||||
Db 4912 GAGGGCAATCAGTTAAACATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCCAATTAAGTTCATCTCT 4971
QY 4954 AACCGCACTGTCAATCAAGCAGGCAAGGCTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAA 5013
|||||
Db 4972 AACCGCACTGTCAATCAAGCAGGCAAGGCTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAA 5031
QY 5014 AAACCTGCCACTGGTGTATACAAAGTGGCGTGGATTAAGAGGCAACGCTTAACGGCGAT 5073
Db 5032 AAACCTGCCACTGGTGTATACAAAGTGGCGTGGATTAAGAGGCAACGCTTAACGGCGAT 5091
QY 5074 TTAAGCAATTTTGGGTCAAAACCCCAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACT 5133
Db 5092 TTAAGCAATTTTGGGTCAAAACCCCAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACT 5151
QY 5134 TATTAAGCCGCGAGGTGAGACCAACTATTTGACCAACCAACCCGAGAGGCTATGACAGA 5193
Db 5152 TATTAAGCCGCGAGGTGAGACCAACTATTTGACCAACCAACCCGAGAGGCTATGACAGA 5211
QY 5194 ATAATGAAACAGGTATCGCTTCTTCCATGTCAACGATGGCAATCAAGGCTGTGTGA 5253
Db 5212 ATAATGAAACAGGTATCGCTTCTTCCATGTCAACGATGGCAATCAAGGCTGTGTGA 5271
QY 5254 CAAGGGGTAAAGGCAATGATCAAGTGGCTCAAGGCAAGCACTCAGTGGGATTAAGTTTC 5313
Db 5272 CAAGGGGTAAAGGCAATGATCAAGTGGCTCAAGGCAAGCACTCAGTGGGATTAAGTTTC 5331
QY 5314 CAGGCCAAGGCAAGTGGTGAAGGCCGCGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGGAGCAAC 5373
Db 5332 CAGGCCAAGGCAAGTGGTGAAGGCCGCGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGGAGCAAC 5391
QY 5374 CAATTCATCGCATCGGTGTATTAAGGCAAGGCGGCGATCAATTCATCGCATCGGT 5433
Db 5392 CAATTCATCGCATCGGTGTATTAAGGCAAGGCGGCGATCAATTCATCGCATCGGT 5451
QY 5434 ACAGGCAATGTGTAGAGAGGTAAAGCACTGTGTGCCATTCGGGCAACCAACCACTGTTAAG 5493
Db 5452 ACAGGCAATGTGTAGAGAGGTAAAGCACTGTGTGCCATTCGGGCAACCAACCACTGTTAAG 5511
QY 5494 GCTGATTAACAGTTTACAGTGTGGGTAAATTAACAACAGTTTACGATGGCACTCAACCGAT 5553
Db 5512 GCTGATTAACAGTTTACAGTGTGGGTAAATTAACAACAGTTTACGATGGCACTCAACCGAT 5571
QY 5554 GCTTTGGTGTGGCAATTAACATCACCGTACCGAAAGTAAGTGTGCTTAAGTTCA 5613
Db 5572 GCTTTGGTGTGGCAATTAACATCACCGTACCGAAAGTAAGTGTGCTTAAGTTCA 5631
QY 5614 AACTCTGCCATCACTGTGAGGCAACAGCAGGCAACCAACCAAAAAATGTGACGAGACA 5673
Db 5632 AACTCTGCCATCACTGTGAGGCAACAGCAGGCAACCAACCAAAAAATGTGACGAGACA 5691
QY 5674 GCAAGTACAACCAACAGCAGGTGCAACCGGTAAGGTTAAAGGCTTGTGTGAACAAAG 5733

```

|||||
Db 5692 GCAGGTACACACACACAGAGTCCACAGTACGGTTAAAGGCTTGTGACAAACG 5751
Qy 5734 GCGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTCCTGAGTGTGAACCCGTTACCAAAATGTGGCA 5793
Db 5752 GCGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTCCTGAGTGTGAACCCGTTACCAAAATGTGGCA 5811
Qy 5794 GCAGGTGAGTGTGAGTGCACACAGCAGATGGGTGCATGTGTAGCCAGTTGTACAAAGCC 5853
Db 5812 GCAGGTGAGTGTGAGTGCACACAGCAGATGGGTGCATGTGTAGCCAGTTGTACAAAGCC 5871
Qy 5854 ACCCAAGCATTTGCCAAGCAGCAACCAATGACTTGAACATCGTATCCACCAAAAGCAAAAT 5913
Db 5872 ACCCAAGCATTTGCCAAGCAGCAACCAATGACTTGAACATCGTATCCACCAAAAGCAAAAT 5931
Qy 5914 AAGGCCAATGCAGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGTCCTCCACCAAGCCTACATT 5973
Db 5932 AAGGCCAATGCAGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGTCCTCCACCAAGCCTACATT 5991
Qy 5974 CCGTGCAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGGCACCCACACAGGTCAGAGTCCGGTGCA 6033
Db 5992 CCGTGCAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGGCACCCACACAGGTCAGAGTCCGGTGCA 6051
Qy 6034 GTGGGACTGTCCAGAGTGTCCGATATGTCATAGGTTAAATCAATGTGTACAGC 6093
Db 6052 GTGGGACTGTCCAGAGTGTCCGATATGTCATAGGTTAAATCAATGTGTACAGC 6111
Qy 6094 GATACCAAGGCGCATGTAGGGGCGCAGTTGGTGCAGGTTTTCACATT 6141
Db 6112 GATACCAAGGCGCATGTAGGGGCGCAGTTGGTGCAGGTTTTCACATT 6159

```

RESULT 8

AAE28545 standard; DNA: 62909 BP.

AAE28545:

04-APR-2001 (first entry)

Genomic fragment #32.

Genomic library: bacteria; human upper airway; otitis media; sinusitis; bronchopulmonary; endocarditis; meningitis; ss.

Moraxella catarrhalis.

MO200078968-A2.

28-DEC-2000.

16-JUN-2000; 2000WO-US16649.

18-JUN-1999; 99US-0140121.

(INCY-) INCYTE GENOMICS INC.

Lagace RE, Paterson C, Berg KL;

WPI: 2001-041427/05.

Genomic library for identifying diagnostic and therapeutic compositions, and for identifying virulence factors, regulatory elements and drug targets, comprises Moraxella catarrhalis nucleic acids -

Claim 1; Page 293-308; 545pp; English.

The present invention relates to a Moraxella catarrhalis genomic library comprising a combination of 41 nucleic acid molecules (see CC AAE28544-AAE28554). The library has a number of uses described in the specification e.g. is useful for identifying diagnostic and therapeutic compositions. M. catarrhalis (Branhamella catarrhalis) is a large

CC aerobic, gram-negative diplococcus, normally found among the bacterial flora of human upper airways. M. catarrhalis is known to cause acute, localized infections such as otitis media, sinusitis and bronchopulmonary infection and life-threatening, systemic diseases including endocarditis and meningitis.

SO Sequence 62909 BP; 18449 A; 13798 C; 12744 G; 17918 T; 0 other;

Query Match 64.7%; Score 3973.4; DB 22; Length 62909;

Best Local Similarity 81.7%; Pred. No. 0; Mismatches 801; Indels 331; Gaps 27;

Matches 5055; Conservative 0;

```

Qy 1 ATGAATCACAATCTATAAGTCAATCTTTAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCAATGCGCA 60
Db 42630 ATGAATCACAATCTATAAGTCAATCTTTAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCGCGGCG 42689
Qy 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGG--TAGTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
Db 42690 GAATATGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGGAGTGTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 42749
Qy 120 TGTATGCACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGATGCGGTGCAC 179
Db 42750 TGTATGCACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGATGCGGTGCAC 42809
Qy 180 GCTCAGTGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCGCATTTGGTAACA 239
Db 42810 GCTCAGTGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCGCATTTGGTAACA 42854
Qy 240 AAACAGCAGCAGAGCTCAGCAGCTGCCAAGCGGAGGATGAGCAGCATTTGCTATTGG 299
Db 42855 AAACAA--CAATCAAAAGCGAGTCCGAGGCGACAGATATCAATCCGTGCTTTGG 42911
Qy 300 TGAATATCTAACGACAGCGGGGCTCAAGCCATGCGCATGCGTGTATTAATAACTGT 359
Db 42912 TGAATATCTGTGCAAGTGTGCGAGCAGCAAGCCATGCGCATGCGTGTATTAATAACTGT 42965
Qy 360 CAATGAAGCAGATTGGATTAAGATAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 419
Db 42966 CAATGAAGCAGATTGGATTAAGATAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 43025
Qy 420 CGGTGCTGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATGCGTGTATGATGATGATGAT 479
Db 43026 CGGTGCTGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATGCGTGTATGATGATGATGAT 43085
Qy 480 TTTGCTTGATCAGCATGTGATATCTTAACATCCGAAGATGCTGATTAAGCATCTTAT 539
Db 43086 TTT-----GAGAGATTAAGGCTTGTATGATCTCCCAAGATGATTAAGTATAT 43136
Qy 540 TAAAGGCGATGAGTATTAAGAAATAGAGATCAAA--GATATATGATTAATAA 596
Db 43137 TGAATAAATCTGAGATTTAAACAGATACGAATACTGATCCCATATGATTAATAAATA 43196
Qy 597 TAGAGCAGACAGCGCAGAGCGGACAGCGCTACTGAGTGGGAGGATGATATGACAGCA 656
Db 43197 TTTACACAGAAAAGCAGAGGACAGCGGATGATGAGGAGACATGACAGCAGAGCAGA 43256
Qy 657 GGGTCAATTTTCCACAGCGCTTTGGTGTACAGGCAACAGCTAATAAGTCTATTCCTTGGC 716
Db 43257 GGGTCAATTTTCCACAGCGCTTTGGTGTACAGGCAATAGCTAATAAGCACTATTCCTTGGC 43316
Qy 717 AGTGGGCTTTGCGGACAGCGGAGGCGCAATCTACATGCTATTTGTTGATGACAG 776
Db 43317 AGTGGGCTTTGCGGACAGCGGAGGCGCAATCTACATGCTATTTGTTGATGACAGCA 43376
Qy 777 ATCTAGTCTGTTGGAGGATGAGTCCCTTGGTGTAGGATGCTGCTGATGCTGACAGGAG 836
Db 43377 AGCTAGCAATTTTGCAGCGCATAGCCATTGGTGAATACTAATATGATTTGGTGTGAGG 43436
Qy 837 TATTGCCCTAGTCAAGTCTGCTGTTGTCACCTCAGAGTATATATTTAGACCGGCTTA 896
Db 43437 TGTGTCCTAGTGTATATATCTCAGATACCTGCTATGATTAATATCTAATAAGGAGCCCTTA 43496
Qy 897 TACACCAATATCCAGGAGCTAGACCCCAAGTTTCAAGCAGCAGCA-----TAA 944

```


OY	3075	CGGTCGCTTGCTCTATTAAAAACCCCACTGGTAGGCAACAATCCAGTCGGTCTGATGG	3134
Db	4547.1	AGATGGCTTGCTCTATTAAAAACCCCACTGGTAGGCAACAATCCAGTCGGTCTGATGG	45530
OY	3135	CGTGAAGTTTGCCAAGTTTAATTAATGAGTGTTGAGTGCTGGCATTTGATGGCAAC	3194
Db	45531	CGTGAAGTTTGCCAAGTTTAATTAATGAGTGTTGAGTGCTGGCATTTGATGGCAAC	45590
OY	3195	TCGCATTACGAGATGTAATTGGCTTTACTGGACATAATGGCTCACTTGATAAAAAGCA	3254
Db	45591	CCGTTATCACCAAGATTAAAAATTTGGCTTGGCGGGGCTAAATGGCTCACTTGATAAACCA	45650
OY	3255	ACCCCACTTAAGCAAGAAGCGGATTTAAACGAGTGAGTAAAGAATTTACCAAACTTCATC	3314
Db	45651	ACCCCACTTAAGCAAGAAGCGGATTTAAACGAGTGAGTAAAGAATTTACCAAACTTCATC	45710
OY	3315	AGGTAGATTGGCCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGGCGGCAAGTTTATGATTTAAA	3374
Db	45711	AGGTAGATTGGCCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGGCGGCTAGATTTATGATTTAGA	45770
OY	3375	AACCGAATCTGAAAAACAAATTCAGAGTACGTGCCAAAACACACAAAATCTATTACAG	3434
Db	45771	AACCGAATCTGAAAAACAAATTCAGAGTACGTGCCAAAACACACAAAATCTATTACAG	45830
OY	3435	ATTCTCAGTAGCAGATGTAACAAGTAAATACCTTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA	3494
Db	45831	ATTCTCAGTAGCAGATGTAACAAGTAAATACCTTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA	45890
OY	3495	TGCACACTTAAGACACTCTGATGTCATCACTTTGCAGGTGAAAAAGCGCATTTACACCA	3554
Db	45891	TGCACACTTAAGACACTCTGATGTCATCACTTTGCAGGTGAAAAAGCGCATTTACACCA	45950
OY	3555	GGTAAATTAAGGAGTGTTGGCTGCTGTGGGCAATTGACCAAAACAAAGGCTTTAACACGCTAA	3614
Db	45951	GGTAAATTAAGGAGTGTTGGCTGCTGTGGGCAATTGACCAAAACAAAGGCTTTAACACGCTAA	46010
OY	3615	GCTGACCGTGGGTAAATTAATTAATGGCAAGGCAATTGCTCATTTGACACCCAAAATGGTCAAA	3674
Db	46011	GCTGACCGTGGGTAAATTAATTAATGGCAAGGCAATTGCTCATTTGACAGTTAAAGATGGTCAAA	46070
OY	3675	TACCATCACAGACTTAAGCAACACTCTAGCTATGTTTACCATGTATTAAGTAAGCGTACG	3734
Db	46071	TACCATCACAGACTTAAGCAACACTCTAGCTATGTTTACCATGTATTAAGTAAGCGTACG	46124
OY	3735	CACCACAGAACAGGCAATATTAATCAAGAAGCAAGCAAAACCCGTCGCCGACAGATTGT	3794
Db	46125	ACACGCACTAAAGCCAAAGGCGCTTCCCATTAACCCGCAAAACCCGTCGCCGACAGATTGT	46184
OY	3795	TGATGTGCTTAAGGCGAGCGCTTAACTTGAAGCAAGCAATGCTGAAGGCGTTGATCTGTCTC	3854
Db	46185	TGATGTATTAATTAATGACAGGCTTTAACTTGCACAAGCAATGGTACAGCGCTTGATCTGTCTC	46244
OY	3855	CACATTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGCAATGGCCACACCGCTTAAGGTGACTATGA	3914
Db	46245	CACATTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGCAATGGCCACACCGCTTAAGGTGACTATGA	46304
OY	3915	TGACACAGCAAAACCGTAAAGTGGTCTATGATGTTCATATGTGGATGATACCAACCTTGA	3974
Db	46305	TGACACAGCAAAACCGTAAAGTGGTCTATGATGTTCATATGTGGATGATACCAACCTTGA	46364
OY	3975	AGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAATAACCCACACTTGGACCACTTGGCAGAGTGC	4034
Db	46365	AGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAATAACCCACACTTGGACCACTTGGCAGAGTGC	46424
OY	4035	TAATTAATTTTGGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTCAAGGCCAGTGATAT	4094
Db	46425	TAATTAATTTTGGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTCAAGGCCAGTGATAT	46484
OY	4095	CGTTGCTCATTTAAACACCTTATGTGGCGACATCCAAACTGGCCAAAGGGGCAAGCCAAAG	4154
Db	46485	CGTTGCTCATTTAAACACCTTATGTGGCGACATCCAAACTGGCCAAAGGGGCAAGCCAAAG	46544

QY	4155	GNACAACTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGTAATGCAATAAGCTCATCTATGACAGTACCGA	4214
Db	46545	GAACAACCTCACAGGCTATGTGGATGTGATGGCAATTAAGGTATCTATGACAGTACCGA	46604
QY	4215	TACAAAGTACTATCAAGCACAATAATGATGGACAGTTGATTAACCAAGAACTTGCCAA	4274
Db	46605	TACAAAGTACTATCAAGCACAATAATGATGGACAGTTGATTAACCAAGAACTTGCCAA	46664
QY	4275	AGACAACCTGTGCGCCAGGCCAAACCCAGATGSGCACTTTGGCTCAATGTAATGTCAA	4334
Db	46665	AGACAACCTGTGCGCCAGGCCAAACCCAGATGSGCACTTTGGCTCAATGTAATGTCAA	46724
QY	4335	ATCACTCATTTAACAAGAACAAGTAATATGATGCCAATTAACCAAGCAAGCATCAATGAAG	4394
Db	46725	ATCACTCATTTAACAAGAACAAGTAATATGATGCCAATTAACCAAGCAAGCATCAATGAAG	46784
QY	4395	CAAGCGCTTTGTTAAGSACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAAAACGCCGC	4454
Db	46785	CAAGCGCTTTGTTAAGSACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAAAACGCCGC	46844
QY	4455	ACCTAATGTGGGTGATTAATATGCGCTTGCCCAACACCGCTGCATCTTCACAGGGGATAC	4514
Db	46845	ACCTAATGTGGGTGATTAATATGCGCTTGCCCAACACCGCTGCATCTTCACAGGGGATAC	46904
QY	4515	AGGCACAACGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTTGACATCAAGGTTGGCAACAGCAC	4574
Db	46905	AGGCACAACGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTTGACATCAAGGTTGGCAACAGCAC	46964
QY	4575	CATATAGCTTAACCGAATTAATACATGSGGTGTACACAGTCTCATGSGCTTCACCTGTCAA	4634
Db	46965	CATATAGCTTAACCGAATTAATACATGSGGTGTACACAGTCTCATGSGCTTCACCTGTCAA	47024
QY	4635	ACTTGGCCAAGAAGCTTAACCAATCTTTAAGCGTTATGTCAGGTGGCACCAAAATTGATGA	4694
Db	47025	ACTTGGCCAAGAAGCTTAACCAATCTTTAAGCGTTATGTCAGGTGGCACCAAAATTGATGA	47084
QY	4695	CAAAAGCGTGTCTTTTGTGTAGACTCAAGGGGTGAACCAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAG	4754
Db	47085	CAAAAGCGTGTCTTTTGTGTAGACTCAAGGGGTGAACCAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAG	47144
QY	4755	TGCGCAATGGGCTGAGACCTGGGTGGCAAGGTCATCGTAATGTGGGCAAAAGCACAAAAGA	4814
Db	47145	TGCGCAATGGGCTGAGACCTGGGTGGCAAGGTCATCGTAATGTGGGCAAAAGCACAAAAGA	47204
QY	4815	TACCGACGCTGCCAATGTACACAAGTTAATGAAGCAAGTAAAGCAACTTTGGGCTGTGGTAA	4874
Db	47205	CACCGACGCTGCCAATGTACACAAGTTAATGAAGCAAGTAAAGCAACTTTGGGCTGTGGTAA	47264
QY	4875	TGCTGGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAAACATTTGCCGATCTCAAAAAAGACCC	4934
Db	47265	TGCTGGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAAACATTTGCCGATCTCAAAAAAGACCC	47324
QY	4935	AAATTCAGTTTCATCATCTTAACCGCACTGTCATCAAGSAGGCAAGGTACTTTGGGCGTAA	4994
Db	47325	AAATTCAGTTTCATCATCTTAACCGCACTGTCATCAAGSAGGCAAGGTACTTTGGGCGTAA	47384
QY	4995	AGGTAATTAACGATTAACGCAAAACCTTGCACTGTGTGTATACAAGTGGGCGTGGATTAAGA	5054
Db	47385	AGGTAATTAACGATTAACGCAAAACCTTGCACTGTGTGTATACAAGTGGGCGTGGATTAAGA	47444
QY	5055	CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCCAAAAAGATGCGACGA	5114
Db	47445	CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCCAAAAAGATGCGACGA	47504
QY	5115	AAAAAGCCTGTGCGCACTTAATAAGCGCGAGTCAAGACCAATTAATTTGACCAACACCC	5174
Db	47505	AAAAAGCCTGTGCGCACTTAATAAGCGCGAGTCAAGACCAATTAATTTGACCAACACCC	47564
QY	5175	CGCAAGAACCTTAAGCAAGTAATTAATGAACAAGTATCCGCTTCCATGTCAAGATGG	5234
Db	47565	CGCAAGAACCTTAAGCAAGTAATTAATGAACAAGTATCCGCTTCCATGTCAAGATGG	47624
QY	5235	CAATTCAGACGCTGTGATCAAGGGCGTTAAGCGCATTTGATCTCAAGTGGCTCAGGCAAGCA	5294

```

|||||
Db 47625 CAATCAAGAGCCTGTGTGTACAGAGGGGTAAACGATGATGTAAGTGTGTGGCAGCA 47684
OY 5295 CTCATGTGGCGATAGTGTTCACAGGCCAAGCAGATGTGAAGCCCGCTGGCCATAGGCG 5354
Db 47685 TTCAAGTGGCGATAGTGTTCACAGGCCAAGCAGATGTGAAGCCCGCTGGCCATAGGCG 47744
OY 5355 ACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCCATCCGATGGTATTAAGCAGCAAGCCAGGGCGCA 5414
Db 47745 ACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCCATCCGATGGTATTAAGCAGCAAGCCAGGGCGCA 47804
OY 5415 TCAATTCATCGCCATCGGTAGCAGCAATGTGTAGCAGGTAAGCACTGTGTCCATCGG 5474
Db 47805 TCAATTCATCGCCATCGGTAGCAGCAATGTGTAGCAGGTAAGCACTGTGTGTCCATCG 47864
OY 5475 CGACCCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACGATTAAGTGTGGGTAATAACACCACTTAC 5534
Db 47865 CGACCCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACGATTAAGTGTGGGTAATAACACCACTTAC 47924
OY 5535 CGATGCCACTCAACCGATGTCTTGTGTGGCAATAACATCACCGTACCGAAAGTAA 5594
Db 47925 CGATGCCACTCAACCGATGTCTTGTGTGGCAATAACATCACCGTACCGAAAGTAA 47984
OY 5595 CTCGGTGGCTTAGTGAACCTCTGCCATTCAGTGCAGGACACAGCAGCAGCAACAGC 5654
Db 47985 CTCGGTGGCTTAGTGAACCTCTGCCATTCAGTGCAGGACACAGCAGCAGCAACAGC 48044
OY 5655 CAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACACCAACCAACAGAGGTGCACACCGGTAA 5714
Db 48045 CAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACACCAACCAACAGAGGTGCACACCGGTAA 48104
OY 5715 AGGCTTGTGTGACAAACGCGGTGTGGTCTCTCCGTGGGTGCTCTAGTGTCTAAGC 5774
Db 48105 AGGCTTGTGTGACAAACGCGGTGTGGTCTCTCCGTGGGTGCTCTAGTGTCTAAGC 48164
OY 5775 CCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACACGACCGATCGGTCAATGG 5834
Db 48165 CCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACACGACCGATCGGTCAATGG 48224
OY 5835 TAGCCAGTGTCAAAAGCCACCAACCAATGCGCAACGCAACCAATGACCTTGACCATGG 5894
Db 48225 TAGCCAGTGTCAAAAGCCACCAACCAATGCGCAACGCAACCAATGACCTTGACCATGG 48284
OY 5895 TATCCACCAAAAGCAAAATAGGCCAATGACAGGATTTATCATGAGCGATGGCGATG 5954
Db 48285 TATCCACCAAAAGCAAAATAGGCCAATGACAGGATTTATCATGAGCGATGGCGATG 48344
OY 5955 CATGCCACAAGCCTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGTATTGCCACCCACA 6014
Db 48345 CATGCCACAAGCCTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGTATTGCCACCCACA 48404
OY 6015 CGGTCAAGGTGGCGTGGGAGTGTGCAAGCTGTGTGGATTAATGGTATTT 6074
Db 48405 CGGTCAAGGTGGCGTGGGAGTGTGCAAGCTGTGTGGATTAATGGTATTT 48464
OY 6075 TAAATCAATGTGTGAGCGGATCCCAAGGCCATGAGGGCGCGAGTTGGTGCAGATTT 6134
Db 48465 TAAATCAATGTGTGAGCGGATCCCAAGGCCATGAGGGCGCGAGTTGGTGCAGATTT 48524
OY 6135 TCACCTTT 6141
Db 48525 TCACCTTT 48531

```

```

RESULT 9
AAD04029
ID AAD04029 standard; DNA; 9542 BP.
XX
AC AAD04029;
XX
DT 02-JUL-2001 (first entry)
XX
DE Moraxella catarrhalis outer membrane protein-106 (OMP106) DNA.

```

```

XX XX Outer membrane protein-106; OMP106; haemagglutination; vaccine;
KW bacterial infection; immunogen; cytotoxic; antibiotic;
KW passive immunisation; ds.
OS Moraxella catarrhalis.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 218..6589
FT /tag= a
FT /product= "Outer membrane protein-106 (OMP106)"
XX
US6214981-B1.
XX
PD 10-APR-2001.
XX
PF 12-NOV-1997; 97US-0968685.
XX
PR 03-MAY-1996; 96US-0642712.
XX
PA (ANTE-) ANTEX BIOLOGICS INC.
XX
PI Tucker K, Plosila L, Tillman UF;
XX
DR WPI: 2001-281002/29.
XX
DR P-PSDB; AAE00701.
XX
PT Novel nucleotide sequences encoding Moraxella catarrhalis outer
PT membrane protein-106 polypeptide, useful for diagnosis of bacterial
PT infections and as vaccine against Moraxella catarrhalis infection of
PT mammals -
XX
PS Claim 6: Column 45-54; 49pp; English.
XX
CC The present sequence is haemagglutinating Moraxella catarrhalis outer
CC membrane protein-106 (OMP106) DNA. The OMP106 is used as a therapeutic
CC and prophylactic vaccine against M. catarrhalis infections of mammals.
CC It is used for diagnosis of bacterial infections and as reagents for
CC clinical or medical diagnosis of M. catarrhalis infections and for
CC scientific research on the properties of pathogenicity, virulence and
CC infectivity of M. catarrhalis. It is also used as a probe to identify
CC the presence of M. catarrhalis in biological specimens and to identify
CC other bacteria that encode a polypeptide related to M. catarrhalis
CC OMP106. OMP106-derived polypeptides are used as ligands to generate
CC antibodies elicited in response to M. catarrhalis infections and also
CC as immunogens for inducing M. catarrhalis-specific antibodies which are
CC useful in immunoassays to detect M. catarrhalis in biological specimens.
CC Cytotoxic antibodies are useful in passive immunisations against
CC M. catarrhalis.
XX
SO Sequence 9542 BP; 2966 A; 2104 C; 2098 G; 2374 T; 0 other:

```

```

Query Match 63.9%; Score 3924.6; DB 22; Length 9542;
Best Local Similarity 79.5%; Pred. No. 0;
Matches 5108; Conservative 0; Mismatches 979; Indels 336; Gaps 26;

```

```

OY 1 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTAACAAGCCACAGGCAATTTATGCGGCA 60
Db 218 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTAACAAGCCACAGGCAATTTATGCGGCG 277
OY 61 GAGTAGCGCCAAATCCACAGCAGGGGGGGTAGTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 120
Db 278 GAATATGCCAAATCCACAGCAGGGGGGGTAGTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 337
OY 121 GATGCACTCTGAGCTTGGCCGTATTTGCCGCTGCTGCTCTGATCGGTGCAAGC 180
Db 338 GTACGCACTCTGAGCTTGGCCGTATTTGCCGCTGCTGCTGATCGGTGCGAGC 397
OY 181 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGAACAA 240
Db 398 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGAACAA 439
OY 241 AACGAGCAAGAGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGCGGTGATGAGCATTTGCTATTGGT 300

```

```

Db 440 GACGGGGGAA-----AAGGGGAGACCAATGCGCGGTGATTAATCATCTATTGGT 493
OY 301 GAAATGCTAACGCGACAGGGGGGTCAAGCCATCCGCTAGTAGTAATAAAGCTGC 360
Db 494 GATATTGCTCAGGCGCTTGCTCTCAATCTATTGCTATGGGACACAAATAGTTTCAT 553
OY 361 AATGGAACAGTTTGGATAGATAGTACCGATGCTAGCGGTCAAGACTCCAGCCATC 420
Db 554 AATTCAATTAATATGCTAATATAGTGCACAAAGCCCTCAGTAATGAGTCCATCCATC 613
OY 421 GGTGTGATGTAAAGCTAGTGTGATGCTGCTGATGGCATTCGTAAGTAGTACTATAT 480
Db 614 GGTGTGATGTATTTGGCTTCTGTCATGCTCTGATTTGCTGATGGTAGTAGTACTATAT 673
OY 481 TTGGCTGATCAGCATGTGTATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAGCATCTTAT 540
Db 674 TTGAAAAAGGAAACGCTACAGC-----AATCTCAGACCTTCTACCTATTAT 721
OY 541 AACGGCCATGAGTATTAAAGAAATA---CGAAGCTCAAGGATTAATGATTAATAAT 597
Db 722 CCGGAGCAAAAGCATTAACGATATATACCACTAGCTGACACTAATCTCAAAATAT 781
OY 598 AACAGCACACCGCAAGGAGGAGGAGTACTGCTAGTGGAGGAGCCATGATATGACAG 657
Db 782 AGACGACACAGCGACAGGAGACAGCCAGTACTGCTAGTGGAGCCATGCTATATGCAAG 841
OY 658 GGTATATTTTCCAAAGCCCTTTGGTACAGCGGACAGCTAAAGTGCCTATTCTTTGCA 717
Db 842 GGTATATTTTCCAAAGCCCTTTGGTACAGCGGACAGCTAAAGTGCCTATTCTTTGCA 901
OY 718 GTGGCTTTGGCGGACAGCCGAGCCAGTACAAATGCTATTGGTCTGTATGCAACA 777
Db 902 GTGGCTTTGGCGGACAGCCGAGCCAGTACAAATGCTATTGGTCTGTATGCAACA 961
OY 778 TCTAGCTGCTTTGGGACGATAGCCCTTGGTACAGTACTGCTGCTACAGGCACT 837
Db 962 GCTATCGGGTTTGACAGCAGACCCGTTGGTGGAACTCAAGTTAATTGAATCGAGGT 1021
OY 838 ATTGCCCTAGCTCAAGGCTGCTGTGACACAGAGTATTAAT-----TCT 885
Db 1022 ATTGCCCTAGCTGCTGCTGTGACAGTCTTCAAGAGATATGATTAATGACGAAT 1081
OY 886 AGACCGGCTTATACACA---AATACCGACGACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCAC---C 939
Db 1082 GTACGGGCTTATGACAGATGATTAACCGCAATAGACAAACCGTATTAAGCCACTTTC 1141
OY 940 AATTAATACGAAGCGGCTCACTTTCATGTTAGTA-----ACCTATCAAA 987
Db 1142 AAGAAATGCTCTACGATGTATTTTCCATTGTAATAGTATGGGAATGACAGTATCAG 1201
OY 988 CGTAATATCATCATGTGCTGCGAGTGTAAATAAACCGATCGGCTCAATGTGGCAG 1047
Db 1202 CGTAATATCATCATGTGCTGCGAGTGTAAATAAACCGATCGGCTCAATGTGGCAG 1261
OY 1048 CTAGACGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCGTGAATTACTTTTCAGGGTGAATTAAC 1107
Db 1262 CTTAAGAGGGGCTGAGCGCTGGCTA---ATCGTCAAAATTACTTTAAGGTGATGATAG 1318
OY 1108 AGTACTGACGTAAATAATAGTTTGGATATACTTAATCTTAATAAGGTGGTGCAGAGCC 1167
Db 1319 AATTAATAGATGAAGAAAGGTTTGGCAAGACTTTAACTATCAGAGTGGTGCAGAGCC 1378
OY 1168 AACGATTTAACGATTAATATATGCTGTGTAAAGAGCGTGATTAATAGTGTCTGAAA 1227
Db 1379 AGCGCATTAACGATCAATACATCGGTGTGTACAAATGCGCA-----TGGTCTGAAA 1432
OY 1228 GTTAACCTGCTAAACCTTTAAACAATCTTACTGAGGTAATTAACAATCAATTAATAT 1287
Db 1433 GTTCAACTGTGTGAACCTTTAAACGAGCTTAAATGTTACACCTGAACCACTTAACGCC 1492
OY 1288 ACAACCAAGTTAAGTGTAGTGTAGTACTACAGCTCA-----1331

```

```

Db 1493 AACGAGAACTACCGTAGGCAAAACCGGCTTACCAGATAAATTTGTTACCAAT 1552
OY 1332 -----ATTATGATGATAGTTTAACCTTTACCGAGCCA-----ATACA 1371
Db 1553 GATATGAAATGCAATTTGATGAAGCAAAACCTTATCTGTAATGAGACCTGGCATTTAGCA 1612
OY 1372 GGCAGTCAAAAGCAAGCAAAACCGTCTATAGGCTTAAATGGGGTGAAGTTTACTAATAT 1431
Db 1613 GGTGTCAAAAGATTACCAAACTTACTGCTGTGTAGTATGATGACATCGGCAACTTAT 1672
OY 1432 GCAGAAACCAACAGCAGCAATGCGCACTACTCGTATTAC-----AGAGTAAA 1479
Db 1673 GGAACGCTTAAAAAGTTAAACCAACCGCTGAAGGCTCTTACAAACCTTTACCGTTAAA 1732
OY 1480 ATTGGCTTCTGAGATGTGTGATGTTGATGAAGAAACCAACGACCATTAATTTGATAAAAA 1539
Db 1733 AAGGTAGATAAAAATGTTAATGATGCTAATGACAGCAAAATCTACCGTGGGTAAAAAT 1792
OY 1540 CAATTAAGTGGGTAGTGTGCAATTACATA-----GACATGCAATTGAT 1587
Db 1793 AACAAACGAGCGTACTCAAGTCAACACCTTAAACTCAAAAGGTGAACCGTGTGAT 1852
OY 1588 GCAGCTAATTAAGATCAAGTAACTTGGCCAAAGTAGCAGTGTCTAAGCATGCGGTACC 1647
Db 1853 GTTACAAACCGAAACAAATGTACAGTTACCTTTGGCTTAAACCAAAATACGCTGACCC 1912
OY 1648 ATCGAACAGCTCAAAAGCGCCCAAGCCCTACTTTAAACGACGCGGTGATCTAGTACCA 1707
Db 1913 GTTGGCAACACACCGCTTAACCAAGATGCGTTATCTTTAAAAACCAATATATACAAA 1972
OY 1708 CCTACTGAATATAGTTGATGATGATTAAGAGTGGCAATGTTACCGGCCCACTTCAACAT 1767
Db 1973 CAATCCAAAGTGGTGTGATGATGATTAATTTACTATATACAGCAATATATAGCAAGGT 2032
OY 1768 G-----GCGTGAACACCCGAGCTTAAACAGTATGAGCACTAGTATTAATTTAGTGT 1821
Db 2033 GCTGCAATTTGAATAATACACTCGCATTTACAGAGACGATATGTTGCTAATTAATCT 2092
OY 1822 AAGGTAGTGTACGACAAATAGCTTAGTTAC-----GCCGAA 1860
Db 2093 GGTTCATTGATGATGAACAAACCCGCGCTAACCCCACTGCGATTAACGACAGTGTAAA 2152
OY 1861 CATTTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGAACGCGTGCAGTCTTACAAAGCTTT 1920
Db 2153 GAGCTGACCAATGTCCATTCGCAATTAACCTGCTACCAATGTTGGGCACTGAGCTTT 2212
OY 1921 -----ACCGTTAAAGAA 1932
Db 2213 ATGAACCGCTTAAGCACTGTAAATACGAAAAATCAGGCTGTGCCGCCACCTTAAGAC 2272
OY 1933 GAAGACGATGATGAGCGCAAGCCTATCACCGGTGCTAAAGATAGCAAAAAATCCGGC 1992
Db 2273 TTATACACCTTATCAACAGTACCGGCTGACCTTTGCAAGTGAATACAGGTCTTAATGTCA 2332
OY 1993 GCA-----GTCAGACTCTTAACACTCAAAAGTAAACCGCTTACAGTGTGTAACAAA 2046
Db 2333 AAAAAAAGTGGGAGATTTTAAAGTTAAAGTGTAAAGCAACACAGCTGATGATTAAAC 2392
OY 2047 AAAGATGATGAGTAACTTCTTGGGCTTAGCCAAAGTATAGGCTGACCACTT----- 2097
Db 2393 AAAAAATACATGGGTGTGTGCTGATGTACCGATTAATAGCTTAAACGTTAAACTTGCT 2452
OY 2098 -----GCAAAAGC 2106
Db 2453 AAAAATTAAGCATCTTATGAGGTTAATTAATAACCTTAATGCGACGATTAAGATT 2512
OY 2107 ACCCTTAACAGATGAGCTGTGACTGTTAAAGTATACCA-----CGAA 2148
Db 2513 ACCGTAGACAGTGGCAACACACCGCTAAGCTACAAAAATGGTGAATTTAACCTTTAGCAAA 2572
OY 2149 CAATTCACAGTGGCTCTAATGCAATTAATTTACTAATGTGAATG-----2195
Db 2573 CAATAATACAGTGTCTACCCCTGCAACCAACGCAAAACCATCTATATGGGCTTATGAGCTTG 2632

```


QY	2196	-----TAGTAAATCCAGGTACTGGCATTTGGCAAAATACCGCTCGGCAATTACGAGAGATAA	2247
Db	2633	AAGTTTACTGATTAACATGATGTATAGACATTGACGGGCAACACTTACATCCAAAGACAAA	2692
QY	2248	ATTGGCTTTCTGCTGTTCTGATGSGTCAGATTGATACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGC	2307
Db	2693	GTTCGGCTTTTCTTAAGCANAAGTGGTTCTACTTGATTAAGCAAAACCTTATCTTGATTAAGC	2752
QY	2308	AAGTCTAAAGTTGGCAATGTTTAGATTACCACACCTGGCATTAAGCGAGGTGAAGCC	2367
Db	2753	AAGCTAAAATGGGTGAAGTTGAGATTACCAACAGCATTAATTAAGCAGTGTGAAGCC	2812
QY	2368	ATCACAGGCGTGTCCCAACACACGCTTACGATTTGCCGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAA	2427
Db	2813	ATCACAGGACTAAAGCATATACCCTTAACCGATGGCACCAACGCAACAGGAGCATGTAACT	2872
QY	2428	CTGGGGCAATACATCCAGACAAAGCAAAATCCAAACGCTGCCAGATTAAATGATATATTA	2487
Db	2873	CAATTTGGGTATCGTTGTATGATCTACGCAAAACCCGCGCGCAGCATTTGGTGAATGTGCTA	2932
QY	2488	AATACAGGCTTTAAACCTAAAAAATATTAACAACCCCATTTGATTTGTCTCCACTATAGAC	2547
Db	2933	AACGACGCTTTAACTTAACAAAAAATATGTTGACGCGCAAGATTTGTCTCCACTATAGAC	2992
QY	2548	ATTGTGACTTTTGGCAATGCGCAATGCGCACACCGCACAGTAAACCATATACGCTTAAC	2607
Db	2993	ACTGTGATTTTATTCATATGSCAATGGCACACCGCTAAAGTCACTTATAGA-----TGGC	3046
QY	2608	AAAAACGTAAGTGTATATGATGTGAATGTGGATGATACAAACCATTCATCTAACAGGC	2667
Db	3047	AAACCCAGTAAAGGGGTATGATGTGCATGTGGATGTGACAAACCATTCATCTAACAGGC	3106
QY	2668	ACGTATGACATTAATAA---AAGTGGCGTCAAAACACACCAACCTCAACAAACAAGTCT	2724
Db	3107	GCTGATGCAATTAATAAACCATAATTTGGCGTAAAAACACACACCTTACCAAAACAGATGCT	3166
QY	2725	AATGTAATACAGCACTAATCTTATGTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG	2784
Db	3167	AAAGGTATTAACGCAATTAATTAATCTTACTGTAACTCTGGTGTGATGACAAAGCCCTTATTAAC	3226
QY	2785	GCCAAAGACATCGCCGGAANAATCTAAACACCTAGCCAAAGAAATTCACACACCAAAAGC	2844
Db	3227	GCCAAAGACATCGCCGCAATCTAAACACCTAGCGTGGAAATTCGCAACACCAAAAGC	3286
QY	2845	ACACAGACACCGCCCTACAAACCTTTACCCTTAAAAAGTGAATGAANA---TATATAT	2901
Db	3287	ACACAGACACCGCCCTACAAACCTTTCAAGTCAAAAAAGTCAAAAAAATGTGATGATAT	3346
QY	2902	GCTGATGACCCAAAGCGCATCACCGTGGGTCAAAAAGACGCAAAATATCAAGTCAACACG	2961
Db	3347	GATATATACCGCTGACACATCACCGTGGGTAAAAAGATGCAAAAACCAATCAAGTCAACACG	3406
QY	2962	CTAACACTCAAGGTGAANAAGGCTTAAATATTTAAACCAGCAAAAATGTACGGTTACC	3021
Db	3407	CTAAACACTCAAGGTGAANAAGGCTTGTGATTTCAAAACCAATTAAGATGTACGGTTACC	3466
QY	3022	TTTGGCACTTAACACCAACCGGCTCTTAAAGCCGGCAAAAGCAC---CTAAAGACGGT	3078
Db	3467	TTTGGCACTTAACACCAACCGGCTCTTAAAGCCGGCAACCAACCACTCTTAACCAACAT	3526
QY	3079	GGCTGTGCTATTAATAAAACCCCACTGTGTAGCAAGCAAAATCAAGTGGTGTGATGGCGTG	3138
Db	3527	GGCTGTGCTATTAATAAAACCCCGTGTGTAGCAAGCAAAATCAAGTGGTGTGATGGCGTG	3586
QY	3139	AAAGTTTCCCAAGGTTAATAATAATGTGTTGTAGGTGCTGGCATTTGATGGCACAACTGCG	3198
Db	3587	AAAGTTTCCCAAGG---TATATATGTGTTGTAGGTGCTGGCATTTGATGGCACAACTGCG	3643
QY	3199	ATTACCGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCACTTTGATTAAGCAAAACCC	3258
Db	3644	ATTACCGAGATGAATTTGGCTTTGCTGGGACTAATGGCTCACTTTGATTAAGCAAAACCC	3703

OY	3259	CACCTTAAGCAAAAGCGCATTTAAACGACAGGTGGTAAAAAAGATTACACATTTCAATCAGGT	3318
Dp	3704	CACCTTAAGCAAAAGCGCATTTAAACGACAGGTGGTAAAAAAGATTACACATTTCAATCAGGT	3763
OY	3319	GAGATTGGCCCAAAACACCCATGTAGTGTGACAGCGCGGCAAGATTATGATTTAAAAAC	3378
Dp	3764	GAGATTGGCCCAAAACACCAATGTAGTGTGACAGCGCGGCAAGATTATGATTTAAAAAC	3823
OY	3379	GAACCTTGA AAAACAAATCACACACTACTGTGCGAAAACAGCAACAAACTCATTTACAGCAATTC	3438
Dp	3824	GAACCTTGA AAAACAAATCACACACTACTGTGCGAAAACAGCAACAAACTCATTTACAGCAATTC	3883
OY	3439	TCACAGACAGATGACAAAGSTAAATTAACCTTTAGCGTTAGTAACCTTACTCAAGTTATGAC	3498
Dp	3884	TCACAGACAGATGACAAAGSTAAATTAACCTTTAGCGTTAGTAACCTTACTCAAGTTATGAC	3943
OY	3499	ACCCCAAGACCTCTGATGTGCATCACCTTTGGCAGGTGAAAAGGCAATTACACCAAGSTA	3558
Dp	3944	ACCCCAAGACCTCTGATGTGCATCACCTTTGGCAGGTGAAAAGGCAATTACACCAAGSTA	4003
OY	3559	AATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTGGGCAATTGACCAAAACCAAGGCTTAACACGGCTTAAGTG	3618
Dp	4004	AATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTGGGCAATTGACCAAAACCAAGGCTTAACACGGCTTAAGTG	4063
OY	3619	ACCGTGGTAAATTAATTAATGCGCAAAAGCATTTGTCATTGACAGGCCAAATGTTCAAAATACC	3678
Dp	4064	ACCGTGGTAAATTAATTAATGCGCAAAAGCATTTGTCATTGACAGGCCAAATGTTCAAAATACC	4123
OY	3679	ATCACAGGACTTAAGCACACTCTAGCTAATGTTACCAATGATTAAGGTAGGTAAGCAC	3738
Dp	4124	ATCACAGGACTTAAGCACACTCTAGCTAATGTTACCAATGATTAAGGTAGGTAAGCAC	4183
OY	3739	ACAAACAGGGCAATTAATTAATCAAAAGAGAAAGCAAAACCGTGGCGGACATTTGTTAT	3798
Dp	4184	ACAAACAGGGCAATTAATTAATCAAAAGAGAAAGCAAAACCGTGGCGGACATTTGTTAT	4243
OY	3799	GTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGTCAAGAGCAATGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACT	3858
Dp	4244	GTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGTCAAGAGCAATGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACT	4303
OY	3859	TATGACACCGTCAACTTTGGCGGATGGCAATGGCCACACCGCTTAAGGTACCTATATGAC	3918
Dp	4304	TATGACACCGTCAACTTTGGCGGATGGCAATGGCCACACCGCTTAAGGTACCTATATGAC	4363
OY	3919	ACAAGCAAAACCACTAAAGTGTGCTTAATGATGTCAAATGTGGATGATACAACCTTGAAT	3978
Dp	4364	ACAAGCAAAACCACTAAAGTGTGCTTAATGATGTCAAATGTGGATGATACAACCTTGAAT	4423
OY	3979	AAAGATAAAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACACATTGGACAGTACTGGCACAGTGCTAAT	4038
Dp	4424	AAAGATAAAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACACATTGGACAGTACTGGCACAGTGCTAAT	4483
OY	4039	AAATTTGCCCTAAGCATTCAGGCTACTGGGCGATGGCGCTTGTCAAGGCCAGTATTCGTT	4098
Dp	4484	AAATTTGCCCTAAGCATTCAGGCTACTGGGCGATGGCGCGCTTGTCAAGGCCAGTATTCGTT	4543
OY	4099	GCTATGTAAACACCTTATGTGGCGACATCAAACTGCGCAAAAGGGCAAGCCACAGCAAC	4158
Dp	4544	GCTATGTAAACACCTTATGTGGCGACATCAAACTGCGCAAAAGGGCAAGCCACAGCAAC	4603
OY	4159	AACTCAGCAGGCTATGTGATGTGCTGATGGCAATTAAGGTCATCTATGACAGTACCGATTAAC	4218
Dp	4604	AACTCAGCAGGCTATGTGATGTGCTGATGGCAATTAAGGTCATCTATGACAGTACCGATTAAC	4663
OY	4219	AAAGTACTATCAAGCCAAAATATGATGGCACAGTTGATTAACCAAAAGAGTTGCCAAAGAC	4278
Dp	4664	AAAGTACTATCAAGCCAAAATATGATGGCACAGTTGATTAACCAAAAGAGTTGCCAAAGAC	4733
OY	4279	AAATGGTGGCGCCAAAGCCCAAAACCCCAAGATGGGACATTGGCTCAAAATGATGTAATCA	4338
Dp	4724	AAATGGTGGCGCCAAAGCCCAAAACCCCAAGATGGGACATTGGCTCAAAATGATGTAATCA	4783
OY	4339	GTCATTTAACAAAGCAAGTAAATGATGTCCCAATAAAAACCAAGGCATCAATTAAGCAAC	4398

|||||
Db 4784 GTCATTAAACAAAGACAGTAATGATGCCAATATAAAAGCAAGGATCAATGAACACAC 4843
OY 4399 GCGTTTGTAAAGACTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCCGACAGTA 4458
Db 4844 GCGTTTGTAAAGACTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCCGACAGTA 4903
OY 4459 ACTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGCCCAACACCGCTGACCTTTGCAGGGGATACAGGC 4518
Db 4904 ACTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGCCCAACACCGCTGACCTTTGCAGGGGATACAGGC 4963
OY 4519 ACAAGGCGTAAAAAACTGGGCGAGACTTGACCATCAAAAGTGGGCAACAGACACCAAT 4578
Db 4964 ACAAGGCGTAAAAAACTGGGCGAGACTTGACCATCAAAAGTGGGCAACAGACACCAAT 5023
OY 4579 AAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAACTT 4638
Db 5024 AAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAACTT 5083
OY 4639 GCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGGTGGCAACCAAAATTGATGACAA 4698
Db 5084 GCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGGTGGCAAAATTAATGACAA 5143
OY 4699 GGGGTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAAGTGC 4758
Db 5144 GGGGTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAAGTGC 5203
OY 4759 AATGGGCTGACCTGGGTGGCAAGTGCATCAATGTGTGGGCAAGGCAACCAAAAGTATAC 4818
Db 5204 AATGGGCTGACCTGGGTGGCAAGTGCATCAAGTGTGGGCAAAAGGCAACCAAAAGTATAC 5263
OY 4819 GAGGCTGCCAATGTACACAGTAAACAGAACTGTTGGGTGTGGTAAATGCT 4878
Db 5264 GAGGCTGCCAATGTACACAGTAAACAGAACTGTTGGGTGTGGTAAATGCT 5323
OY 4879 GGTAAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGTAACATTTGCCGACATCAAAAAAGCCCAAT 4938
Db 5324 GGTAAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGTAACATTTGCCGACATCAAAAAAGCCCAAT 5383
OY 4939 TCAAGTTCAATCTTAACCCGACGTGCATCAAAAGGCGGACGCTTGGCGTAAAGT 4998
Db 5384 TCAAGTTCAATCTTAACCCGACGTGCATCAAAAGGCGGACGCTTGGCGTAAAGT 5443
OY 4999 AATAAGCATACCGAAAAACTTGGCACTGTGTATATACAACTGGGCGGTGATTAAGAGCGC 5058
Db 5444 AATAAGCATACCGAAAAACTTGGCACTGTGTATATACAACTGGGCGGTGATTAAGAGCGC 5503
OY 5059 AACGCTAACGCGATTTAAAGCATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAA 5118
Db 5504 AACGCTAACGCGATTTAAAGCATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAA 5563
OY 5119 GCCCTGCTCGGCATTTAAACGGCGCGGAGGTACAGCAACTATTGACCAACACCCGCA 5178
Db 5564 GCCCTGCTCGGCATTTAAACGGCGCGGAGGTACAGCAACTATTGACCAACACCCGCA 5623
OY 5179 GAAGCCATTGACAGTAATTAATGAACAAGGATTCGCTTCTTCATGTCAACGATGSCAAT 5238
Db 5624 GAAGCCATTGACAGTAATTAATGAACAAGGATTCGCTTCTTCATGTCAACGATGSCAAT 5683
OY 5239 CAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTAAAGGCTTACATCAAGTGGCTCAGGCAACGACTCA 5298
Db 5684 CAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTAAAGGCTTACATCAAGTGGCTCAGGCAACGACTCA 5743
OY 5299 GTGGCGATAGGTTTCCAGAGGCAAGGATGTGAAGCCGCGTGTGCATAGCAGACAA 5358
Db 5744 GTGGCGATAGGTTTCCAGAGGCAAGGATGTGAAGCCGCGTGTGCATAGCAGACAA 5803
OY 5359 ACCCAAGCAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTATTAACGCAACAGCCAGCGGCGATCAA 5418
Db 5804 ACCCAAGCAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTATTAACGCAACAGCCAGCGGCGATCAA 5863
OY 5419 TCATTCGCGCATTCGTAACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGCACTGTGGTGCATCGGCGAC 5478
|||||

Db 5864 TCATTCGCGCATTCGTAACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGCACTGTGGTGCATCGGCGAC 5923
OY 5479 CCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATTAACAACAGTTTACCGAT 5538
Db 5924 CCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATTAACAACAGTTTACCGAT 5983
OY 5539 GCCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGTGGGCAATTAATCAACCGGTGACCCGAATTAACCTCG 5598
Db 5984 GCCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGTGGGCAATTAATCAACCGGTGACCCGAATTAACCTCG 6043
OY 5599 GTTGCCTTAAGTTTAAACTGTCCATCAGTGCAGGCGACACACCGGCAACAGGCAACAA 5658
Db 6044 GTTGCCTTAAGTTTAAACTGTCCATCAGTGCAGGCGACACACCGGCAACAGGCAACAA 6103
OY 5659 AAATCTGACGCGACAGCAGGTAACCAACACACAGCAGGTGCAACCGGTACGTTAAAGGC 5718
Db 6104 AAATCTGACGCGACAGCAGGTAACCAACACACAGCAGGTGCAACCGGTACGTTAAAGGC 6163
OY 5719 TTTGCTGACAAACGGCGGTGTGGTGTGCGGTCTCGGTGGGTCTTGTAGTGTGAACGCGT 5778
Db 6164 TTTGCTGACAAACGGCGGTGTGGTGTGCGGTCTCGGTGGGTCTTGTAGTGTGAACGCGT 6223
OY 5779 ATCCAAATGTGGGCAAGGTAAGGTGAGTGCAGTGCACACAGCAGCATGCGTCAATGTAGC 5838
Db 6224 ATCCAAATGTGGGCAAGGTAAGGTGAGTGCAGTGCACACAGCAGCATGCGTCAATGTAGC 6283
OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGACATCGTATC 5898
Db 6284 CAGTTGTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGACATCGTATC 6343
OY 5899 CACCAAAACGAAATTAAGGCGCAATGACAGGATTTGCATCAGGATGGGATGGCTGCATG 5958
Db 6344 CACCAAAACGAAATTAAGGCGCAATGACAGGATTTGCATCAGGATGGGATGGCTGCATG 6403
OY 5959 CCACAAGCTTACATTCCTGCGAGATTCATGTTACCGGGGATTTGCCACCCACACGCT 6018
Db 6404 CCACAAGCTTACATTCCTGCGAGATTCATGTTACCGGGGATTTGCCACCCACACGCT 6463
OY 6019 CAAGTGGCGGTGGCAGTGGAGTGTGCAAGCTGTGCGAATAGGTAATGGTCAATGGTATTTAA 6078
Db 6464 CAAGTGGCGGTGGCAGTGGAGTGTGCAAGCTGTGCGAATAGGTAATGGTCAATGGTATTTAA 6523
OY 6079 ATCAATGTTACGCGGATCCCAAGGCAATGAGGGGCGGAGTGTGTCAGAGTTTTCAC 6138
Db 6524 ATCAATGTTACGCGGATCCCAAGGCAATGAGGGGCGGAGTGTGTCAGAGTTTTCAC 6583
OY 6139 TTT 6141
Db 6584 TTT 6586
RESULT 10
AAFS9105
ID AAFS9105 standard; DNA; 6942 BP.
XX
AC AAFS9105;
XX
DT 24-APR-2001 (first entry)
XX
DE M. catarrhalis les1 200KDa gene SEQ ID NO:10.
XX
XX Moraxella catarrhalis strain 08; major outer membrane protein;
KW 200KDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
KW Otitis media; detection; ds.
XX
OS Moraxella catarrhalis.
XX
PN M020107619-A1.
XX
PD 01-FEB-2001.
XX
PF 26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.
XX

PR 27-JUL-1999: 99US-0361619.

XX (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

XX Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;

PI WPI: 2001-159722/16.

DR P-PSDB: AAB69136.

XX New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
PT useful in protective vaccines and for diagnosis

XX Claim 1: Fig 5A-Y; 247pp: English.

CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis Isal 200kDa gene, which is given in the exemplification
CC of the present invention.

XX Sequence 6942 BP; 2286 A; 1621 C; 1564 G; 1471 T; 0 other:

Query Match 42.2%; Score 2590; DB 22: Length 6942;

Best Local Similarity 66.9%; Pred No. 0; Matches 4802; Conservative 0; Mismatches 1105; Indels 1269; Gaps 28;

QY 1 ATGAATCATATCTATTAAGTCACTTTTAAACAAAGCCACAGGACATTATAGCAGTGGCA 60
DB 1 ATGAATCATATCTATTAAGTCACTTTTAAACAAAGCCACAGGACATTATAGCAGTGGCA 60
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGGGGGGGGTAGCTGCTACAGGCGCAAGTTGGCAGT 120
DB 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGGGGGGGGTAGCTGCTACAGGCGCAAGTTGGCAGT 120
QY 121 GTATGACACTGCTAGCTTCCCGTATTTGCGCGGCTGCTGCTGTAATGCGGTGAAG 180
DB 121 GTATGACACTGCTAGCTTCCCGTATTTGCGCGGCTGCTGCTGTAATGCGGTGAAG 180
QY 181 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTTGGTGAACAA 240
DB 181 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTTGGTGAACAA 240
QY 241 AACCGACCAAGCGCTCAGGACCTGCCAAGGGGAGCGGTGATGAGCCATTGCTATTGGT 300
DB 241 AACCGACCAAGCGCTCAGGACCTGCCAAGGGGAGCGGTGATGAGCCATTGCTATTGGT 300
QY 229 ---ACCAACGGCAACAAATGCAATGCTGCTGCTAGCAATGAAGCAATTCGTAATGGT 285
DB 229 ---ACCAACGGCAACAAATGCAATGCTGCTGCTAGCAATGAAGCAATTCGTAATGGT 285
QY 301 GAAATGCTAAGCAGAGGGGCGTCAAGCCATGCCAGTATGTA---TAAAGT 357
DB 301 GAAATGCTAAGCAGAGGGGCGTCAAGCCATGCCAGTATGTA---TAAAGT 357
QY 286 AACTCTTGTCTAAGGCATGCCATCAAGTATTTGCTATGGTGGTGAACAAACAGATCCT 345
DB 286 AACTCTTGTCTAAGGCATGCCATCAAGTATTTGCTATGGTGGTGAACAAACAGATCCT 345
QY 358 GTCAATGGAAGCAGTTTGGATAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAGAGTCCATCGCC 417
DB 358 GTCAATGGAAGCAGTTTGGATAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAGAGTCCATCGCC 417
QY 346 CTAATCAAGCGGCTAATCAGAAAGCAGGTCCCAAGCCAAAGGTAAAGTCCATCGCC 405
DB 346 CTAATCAAGCGGCTAATCAGAAAGCAGGTCCCAAGCCAAAGGTAAAGTCCATCGCC 405
QY 418 ATCGGTGGATGTAAAGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGCTGATGCTGCTGCTG 477
DB 418 ATCGGTGGATGTAAAGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGCTGATGCTGCTGCTG 477
QY 406 ATCGGTGGATGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 465
DB 406 ATCGGTGGATGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 465
QY 478 CATTTGCTGATCAGCATGCTAATCCGAAAGGACTGCTGATGATGATGCTGCTGCTG 537
DB 478 CATTTGCTGATCAGCATGCTAATCCGAAAGGACTGCTGATGATGATGCTGCTGCTG 537
QY 466 TATTTGGATAGGATAGCACTAATCTAATATCAAAATGGTCTTC---TTAGACTCTTT 522
DB 466 TATTTGGATAGGATAGCACTAATCTAATATCAAAATGGTCTTC---TTAGACTCTTT 522
QY 538 ATTAACGGCCATGAGTATTAAGAATACGAAGCTCAAGAGATATGATGTAATATAT 597

DB 523 ATTCAAACCATACATGATATTACGCCAAATACGAGACTCAAAATGTTCTCA---GAATATAT 579
QY 598 AGACGCAACAACCCGAAAGCGACACGCGAGTACTGAGTGGGACCATGCTATATGACAG 657
DB 580 AGACGCAACAACCCGAAAGCGACACGCGAGTACTGAGTGGGACCATGCTATGCAAG 639
QY 658 GGTCAATTTTCCACAGCCTTTGGTATACAGGGGACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGGA 717
DB 640 GGTCAATTTTCCACAGCCTTTGGTATACAGGGGACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGGA 699
QY 718 GTGGCTCTTCCGCGCACAGCGGAGCGCAATCATGCGCTATGCTGCTGCTGCAACA 777
DB 700 GTGGCTCTTCCGCGCACAGCGGAGCGCAATCATGCGCTATGCTGCTGCTGCTGCAACA 759
QY 778 TCTAGCTGCTGGAGCAGTACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 837
DB 760 GCTATCAATTAATGAGTACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 819
QY 838 ATGCGCTAGTCAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 897
DB 820 ATGCGCTAGTCAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 876
QY 898 ACACCAAAATACCCAGCAGTACAGCCCAAGTTTCAAGCCCAATTAATGCAAGCGGCT 957
DB 877 GCTATGATACCAAGAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 936
QY 958 CCACCTTCCATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1017
DB 937 TATTTTCCATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 996
QY 1018 AATTAACCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1077
DB 997 GAGGATACGAGTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1053
QY 1078 CGTAGATTAATCTTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1137
DB 1054 CGTAGATTAATCTTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1113
QY 1138 ACTTAACTATTAAGGCTGCT---CAGAGACCAACGCTTAACGATTAATTAATGCT 1194
DB 1114 ACTTAACTATTAAGGCTGCT---CAGAGACCAACGCTTAACGATTAATTAATGCT 1173
QY 1195 GTGCTAAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1254
DB 1174 GTGCTAAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1233
QY 1255 GTTACTGAGTGAATACACTATCAATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1314
DB 1234 GTTACTGAGTGAATACACTATCAATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1290
QY 1315 AGTATGCTACAGCTGAATTTATGAGTGAATGCTTAACTTTACCTTTACCAAGCCAA 1374
DB 1291 AGTATGCTACAGCTGAATTTATGAGTGAATGCTTAACTTTACCTTTACCAAGCCAA 1344
QY 1375 AGTCAAGCAACAACCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1434
DB 1345 AGTCAAGCAACAACCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1404
QY 1435 GAAACAAACAGCAGCAATGCGCTACTGCTATTTACAGAGATTAATTTGGCTTGTGCA 1494
DB 1405 GAAACAAACAGCAGCAATGCGCTACTGCTATTTACAGAGATTAATTTGGCTTGTGCA 1461
QY 1495 GATGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1554
DB 1462 GATGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1520
QY 1555 AGTGTGCAATTAACATGACATGCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1614
DB 1521 AGTGTGCAATTAACATGACATGCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1580
QY 1615 GCCAAAGGTAGCAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1674

```
Db 1521 --CAACAGCACCCTAAACAAAGCGTGGCTTGACTGTTAATAACACCATGTTGAGCAAT 1578
Qy 1675 ACCTTAAMGCGAGCGCTGGGATCAGTGTCACTACTGAAATATCATGTGATGCTAAG 1734
Db 1579 AAACAATCCAAAGTCGGTGTGATGATGCAATTAATTTGCCGATGTGATTAATGATATCA 1638
Qy 1735 AGTGCATGTTACCGCCCACTTACAACTTGCGCTGAAGACCGGACTTAACAGT 1794
Db 1639 AATCCCGCAAAATTCGGGACTACTGCTATTAACGAAGAGAAATGGCTTGGTGCATGCT 1698
Qy 1795 GATGGCACTAGTAATTAATTTAGTGTTAAGGATGAGTACGAACATAGCTTAGTACC 1854
Db 1699 GATGGTAAGTTGATTA----- 1715
Qy 1855 GCCGAACCTTGGGAGCTATCTAATAGTCAATGCAATGCAAGCGCTGACAGTCTACAA 1914
Db 1716 -----AACTCACCATATTGGATTAATAAACAACCTTCAAGTGGGTGCTT 1761
Qy 1915 AGCTTTACCTTTAAAGAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCACCCTGAGTAAAGAT 1974
Db 1762 AAATTTACCAAGACAGTGGCATTAATGACAGTGTATCAAAAGATCAGTAATGTTAAAGAT 1821
Qy 1975 ACGCAAAAATGCGCGCGCAGCTCAGCATTTAAACTCAAAAGGTAAGAGGCTTAAG 2034
Db 1822 GCAACGGGCGATACCGATGAGTCACTTATTAACAGCTTAAACAAGTCCACAGACGCC 1881
Qy 2035 GTTGCTACCAAAAAGATGATGAGGTTACCTTGGGCTTACGAAGATAGGCGTGAAC 2094
Db 1882 GAGGCTGCTTACAA-----AGCTTCTCTATTGCTGATGAATAAGGTAAGAA 1929
Qy 2095 ATTGGCAAAAGCACCCTTAACAGAGATGCTTGAATGTTAAAGATACCAAGCAACAAATC 2154
Db 1930 TTTAGATTAATTAATCTTATTTAATGTTAATACCCCAATACCTTTGAGACCATCAC 1989
Qy 2155 CAATCGGTGCTAATGCGATTAAATTTACTATGTAATGTAATGTAATCCAGGTAAGT 2214
Db 1990 TTTTCAGGTGAAGAGCGGATGATGATGAGCATGATGAGCAATGAGCAAGGTAAGTCAAA-- 2047
Qy 2215 ATTGCAATTAACCGTGGCATACGAGATTAATTTGGCTTGGCTTGGATGATGATGCA 2274
Db 2048 -TTGGTATTGACCCCAATATGCTCTCACACGCTTAAGCTGACCGTGGGTAAGCATAA 2106
Qy 2275 GTTGATACAAACAACTTATCTTGATCAAGACAAAGCTAAGGTAAGGTAAGATT 2334
Db 2107 GATGTTAAACTCAATTGTTATTGAGCAAG----- 2137
Qy 2335 ACCAAGCTGCGATTACGCGAGTGTAAAGCCATCACAGGCTGCCCAACACTGCT 2394
Db 2138 ---TGCTACCGGTAAAGACACCAAAAACATCAATTAGAGATTTGCCCAACACTGCT 2193
Qy 2395 AGCATTTGCGATTCAAAGTAGC---CGCAACATAGAACTGGCAATACATCCAA---GAC 2448
Db 2194 AGCATTTACCATTCAGATGGGCTAGCGACACAGAACAGGGAATTCATCACCGGAC 2253
Qy 2449 AAAGCAAAATCCAAAGCTGCGAGCATTAAGATATTAATTAATACAGGCTTTAACTAAAA 2508
Db 2254 GAAGCAAAATCCAAAGCGCGAGTATCGGTATATTAATTAATACAGGCTTTAACTAAAA 2313
Qy 2509 AATATATCAACCCCATTTGATGCTTCTCCACTTATGACATTTGACTTTGGCCAAATGGC 2568
Db 2314 AATATATCAACCTCGTTGGCTTGTCTCCTTAATTAACACTGTAATTAATCATGATGGC 2373
Qy 2569 AATGCGACACCGCACAGTATACCGCATACCGCTAACAAACAGTAAGTGTATAT 2628
Db 2374 AATGCGACACCGCTAAGTATAGTATGATTAACCAATCAACAGTAACTAATAT 2433
Qy 2629 GATGTAATTTGATGATACAACTTATCATCTTAACAGGCACTGATGACAA---TAAAAA 2685
Db 2434 GATGTAATTTGATGATGAAACCAATGATACACAGGCAATATGCAAGCAACAA 2493
Qy 2686 CTTGGCGTCAAAACCAAACTGACAAAGTAAGTCTAATGTAATATACAGCAACTAAC 2745
Db 2494 ATTGGCGTCAAAACCAACACTGACCAACAAATATGCTAATGTTAAGCAAC----- 2546
Qy 2746 TTTAATGTTAACTAGTATGAATGATGCCCTTGTGTTAAAGCCAAAGACATGCGCAAAAT 2805
Db 2547 --CAACTTTAGTACCAACCGATACAGATGCCCTTGTGTTAAAGCCAAAGACATGCGCAAAAT 2604
Qy 2806 CTAACACCCCTAAGCCAGGAATTCACACCAACAAAGGACAGGACAGACCGCCCTACAA 2865
Db 2605 CTAACACCCCTAAGCCAGGAATTCACACCAACAAAGGACAGGACAGACCGCCCTACAA 2664
Qy 2866 ACCTTTACCCTTTAAAGAGTATGAATAATATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC 2925
Db 2665 ACCTTTAAAGTCAAAAAAGAGGCTGCA-----ACTGATGACGAACCATCAGCGTGGGT 2718
Qy 2926 GTGGTCAAAAAGAACGAATATCAAGTCAACACCTTAACACCTCAAGAGTGAAGAAAGGT 2985
Db 2719 AAAGATGTTACACAAACAGGCAAGCGCTCAACACTCTAAACCTCAAGGTGAAGAAAGGT 2778
Qy 2986 CTTAATATTTAAACCCGCAAAATGATGAGGTTACCTTTGGCATTTACACCAAGCGGT 3045
Db 2779 CTAACGGTTGCTAACCAATTAAGATGTACGGTTACCTTTGGCATTTACACCAAGCGGT 2838
Qy 3046 CTTAAGCGCGGCAAAAGCAC---CTAAGCAGGCTGCTGCTATTAATAACCCCACT 3102
Db 2839 CTTAAGCGCGGCAAGCACACTTAACAAAGATGCTGTCTATTAAACCCCGCT 2898
Qy 3103 GTAGCCGAACAAATCCAGTGGCTGATGCGGTGAAGTGGCCAAAGTAAATTAAT 3162
Db 2899 ACTAAGCAACAAATCCAGTGGCTGATGCGGTGAAGTGGCCAAAGTAAATTAAT 2955
Qy 3163 GGTGTTGATGCTGCGCATTTGATGCGACAACTGCAATTTACAGAGATGAATTTGCTTT 3222
Db 2956 GGTAAATTCACCACTGCTGATTTGATGCGCAAGCCGCTATCACCAAGATCAATTTGGCTTT 3015
Qy 3223 ACTGGACTAATGGCTGCTGATTTAAGCAAAACCCGCTAAGCAAGAC----- 3273
Db 3016 ACTGGGCTAATGGCTGCTGATTTACCAACCCCACTTACCAACCAAGATCAATTTGGCTTT 3075
Qy 3274 -----GGCATTTAAGCAGGTTGTTAAAGATTACCAAC 3306
Db 3076 GTGGGTGAAGTTGAATTAACCAACACTGCGATTTACGAGGTTGTTAAAGATTACCAAC 3135
Qy 3307 ATTCAATCAGTGTGATTTGCCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAAGATTAT 3366
Db 3136 ATTCAATCAGTGTGATTTGCCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCTGCTGATTTAT 3195
Qy 3367 GATTTAAACCGAATGAAACCAAAATCAGACTGACTTGGCAAAACAGCAACAACTCA 3426
Db 3196 GATTTAAACCGAATGAAACCAAAATCAGACTGACTTGGCAAAACAGCAACAACTCA 3255
Qy 3427 TTACAGAAATCTCAGTAGAGATGAACAGGTAATACTTTACGTTAAGTAACCTTAC 3486
Db 3256 TTACAGAAATCTCAGTAGAGATGAACAGGTAATACTTTACGTTAAGTAACCTTAC 3315
Qy 3487 TTCAGTTATGACACTCAAAAGACCTGTATGTATCATTACCTTTGACAGGTGAAGGCAATT 3546
Db 3316 TCCAGTTATGACACTCAAAAGACCTGTATGTATCATTACCTTTGACAGGTGAAGGCAATT 3375
Qy 3547 ACCACCAAGGTAATAAGAGTGTGTGCTGCTGAGGCTTTGACCAAAACAGGCTTAAC 3606
Db 3376 ACCACCAAGGTAATAAGAGTGTGTGCTGCTGAGGCTTTGACCAAAACAGGCTTAAC 3435
Qy 3607 ACCGCTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATATGCAAAAGCATTTGTCATGACAGCCAAAT 3666
Db 3436 ACCGCTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATGCAAAAGCATTTGTCATGACAGCTAAAGAT 3495
Qy 3667 GGTCAAAATTACCATACAGGACTTAAGCAACACTTACGTAATGTTACCAATTAAGT 3726
Db 3496 GGTCAAAATTACCATACAGGACTTAAGCAACACTTACGTAATGTTACCAATTAAGT-----T 3549
Qy 3727 AGCGTAGCCACAGCAAGAGGCAATTAATCAAAAGCAAGAACCAAAACCGGTGCGGC 3786
Db 3550 GGTGAGGACACGCACTAAGCCAGGCTTGCATATGACCCGACAAACCGGTGCGGC 3609
```

Db	4687	AACAACTTAAACCAACCAAGTA	ACTCAGTGGCGTCA	TACCTTGTGGTAACCATGCC	4748
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	4747	AATGGCAAGCCCATCAATGGCAGC	CGATGGCAAGCCCCAAAAGCCAT	CAAGGCGCGCAT	4808
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	4807	GGTAAATACTATCAGCCCAACGCC	ACGGCTACTGTGACAAAGATGGCA	GCCATC	4866
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	4867	ACCGATGGCGACAACCTTGGCAAT	CTGTGGCACTCATGGCAAA	CCCTTGATGCAGTCA	4922
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	4927	CAAGTGGTGGCAAGCCTTAGGGCG	CACTCAGATGCCATCACCTTACCA	ACATCAAGTCC	4988
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	4987	ACTTGGCCACAATTTGACACACCA	ACAGTAATGCCAATGCAAGGCCA	AAAT	5048
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5047	CTGCCACCTATACGACGACACGCA	AGTAATGCTGCCAGTGTCAAA	ATGTGCTAAAT	5106
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5107	GTAGCCTTAACTTGCAGACCAATCA	CAATCAAGTGGACTTGTCAAA	GCCTATGATACC	5166
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5167	GTCAACTTTGTCAATGGTAGACAG	TGGCCGACATCAAAAGCGTGGTAG	TGATGGACAG	5228
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5227	ATGATTAACATCACCGCTCAACAC	CGGCTTGGACGACGACGATGATG	ATGCAATGCTT	5288
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5287	ATCAAAAGCCAAAGATGTAAGTTCT	ACAAAGCAGACGACCTCATGCCAA	ACGGCTCACTA	5346
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5347	AAAGCAGGCAAAATACGACGATGAT	GCCAAAATCCAACTGTGTAAAGC	CTTGTAAACCC	5406
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5407	AATGCTGGTAAAGCAGTACAGCGG	ATGATGAGTGGCTTTAATTA	CTTATCAAAAGCGTA	5466
Qy	4780	-----	-----	-----	4779
Db	5467	TTTAATCCAAAGATGTAACACTACT	ACACAGTAAGCTGTGATGCATCAG	TATACAA	5526
Qy	4780	-----	-----	-----	4788
Db	5527	GGCAAGATAACAGCAGCATCACCT	TAGCAAAAGATGGCTGAATGTAG	CGGTAAAGTC	5588
Qy	4786	ATCAGTATGTGGGCAAAAGCAGACA	AAAAAGATACCGAGCTGCCAATG	TACACAGTTAAAC	4845
Db	5587	ATCACCATGTGGGTAAAGGACAAAG	ACACGACGCTGCCAATGTACAA	CAGTTAAAC	5646
Qy	4816	CAGATACCAACTTGTGGGCTTGTGTA	ATGCTGTGAATGATTAACGCTGAC	GGCAATCAG	4905
Db	5647	GAAATACCAACTTGTGGGCTTGTGTA	ATGCTGTGAATGATTAACGCTGAC	GGCAATCAG	5706
Qy	4906	GTAACATTTGGCGACATCAAAAAAG	ACCAATTCAGTTCAATCAACGCA	CTGAC	4965
Db	5707	GTAACATTTGGCGACATCAAAAAAG	ACCAATTCAGTTCAATCAACGCA	CTGAC	5766
Qy	4966	ATCAAAAGCAGCAGTACTTGGCGTAA	AGTAATTAAGATACGAAAAATTCG	CACT	5025

```

Db 5767 ATCAAGCAGCAGCGTACTTGGCGGTAAAGTAATACGATACGCAAAAACCTGGCAGT 5826
OY 5026 GGTGGTATACAGTGGGGCTGGATTAAGACGCAACGCTTAAGCGGATTTAAGCAATGTT 5085
Db 5827 GGTGGTGTACAGTGGGGCTGGATTAAGACGCAACGCTTAAGCGGATTTAAGCAATGTT 5886
OY 5086 TGGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCGCCACTTATTAAGCGCCGA 5145
Db 5887 TGGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCGCCACTTATTAAGCGCCGA 5946
OY 5146 GGTCAAGACCACTATTTGACCAACAACCCGCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACA 5205
Db 5947 GGTCAAGACCACTATTTGACCAACAACCCGCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACA 6006
OY 5206 GGTATCCGCTTCTTCATCTCAAGCATGGCAATCAAGAGCCCTGGGTCAAGGGGGTAC 5265
Db 6007 GGTATCCGCTTCTTCATCTCAAGCATGGCAATCAAGAGCCCTGGGTCAAGGGGGTAC 6066
OY 5266 GGCATTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTCAGGCGCAAGGCA 5325
Db 6067 GGCATTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTCAGGCGCAAGGCA 6126
OY 5326 GATGGTGAAGCGCGGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCG 5385
Db 6127 GATGGTGAAGCGCGGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCG 6186
OY 5386 ATCGGTGATTAACGCAAGCCAGCGCGATCAATCATCGCCATGGTATACAGGCAATGTG 5445
Db 6187 ATCGGTGATTAACGCAAGCCAGCGCGATCAATCATCGCCATGGTATACAGGCAATGTG 6246
OY 5446 GTAGAGGTAAAGCACTCTGGTGGCCATCGGCGCAACCCAAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGT 5505
Db 6247 GTAGAGGTAAAGCACTCTGGTGGCCATCGGCGCAACCCAAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGT 6306
OY 5506 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACAGATTACGATGCCACTCAAGCGAGTCTTTGGGTG 5565
Db 6307 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACAGATTACGATGCCACTCAAGCGAGTCTTTGGGTG 6366
OY 5566 GGCATTAATCAATCACCCTGACCGAAAGTACATCGGTTGCTTAAAGTTCAGTCCATC 5625
Db 6367 GGCATTAATCAATCACCCTGACCGAAAGTACATCGGTTGCTTAAAGTTCAGTCCATC 6426
OY 5626 AGTCAGGCAACAGCGGAGCAACAGCAACCAAAAATTTGACGGCAGCAGGATACCAAC 5685
Db 6427 AGTCAGGCAACAGCGGAGCAACAGCAACCAAAAATTTGACGGCAGCAGGATACCAAC 6486
OY 5686 ACCAAGAGGTGCAACCGGTACGTTAAAGGCTTGGTGAACAAGCGCGGTTGGTGGC 5745
Db 6487 ACCAAGAGGTGCAACCGGTACGTTAAAGGCTTGGTGAACAAGCGCGGTTGGTGGC 6546
OY 5746 GTCTCCGTTGGTGCCTCAGTGCCTGAACCGCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTAGGTC 5805
Db 6547 GTCTCCGTTGGTGCCTCAGTGCCTGAACCGCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTAGGTC 6606
OY 5806 AGTCAGCAGCAGCAGTGGGTGCAATGGTATAGCAGTTGTCAAAAGCCACCAAGCATT 5865
Db 6607 AGTCAGCAGCAGCAGTGGGTGCAATGGTATAGCAGTTGTCAAAAGCCACCAAGCATT 6666
OY 5866 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGAACCATGATCCACCAAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCA 5925
Db 6667 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGAACCATGATCCACCAAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCA 6726
OY 5926 GGGATTTTCAATCAGGATGGGATGGGCTCAATGGCAGCAAGCTTATCCAGCATTC 5985
Db 6727 GGGATTTTCAATCAGGATGGGATGGGCTCAATGGCAGCAAGCTTATCCAGCATTC 6786
OY 5986 ATGGTTACCGGGGATTTGGCAGCAGCAAGGTCAGTGGGAGGAGGAGGAGCTGCG 6045
Db 6787 ATGGTTACCGGGGATTTGGCAGCAGCAAGGTCAGTGGGAGGAGGAGGAGCTGCG 6846
OY 6046 AAGCTGTGAGATTAATGCTCAATGGGATTTAAATCAATGATGTCAGGCAATGCAAGG 6105
Db 6847 AAGCTGTGAGATTAATGCTCAATGGGATTTAAATCAATGATGTCAGGCAATGCAAGG 6906

```

```

OY 6106 CATGTAGGCGCGGCACTGTGTCAGCTTTTCACTTT 6141
Db 6907 CATGTAGGCGCGGCACTGTGTCAGCTTTTCACTTT 6942

RESULT 11
AAE59129
ID AAE59129 standard; DNA; 720 BP.
XX
AC AAE59129;
XX
DT 24-APR-2001 (first entry)
XX
DE M. catarrhalis strain 4223 200kDa partial nucleotide sequence.
XX
KW Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;
KW 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
KW otitis media; detection; ds.
XX
OS Moraxella catarrhalis.
XX
PN WO20107619-A1.
XX
PD 01-FEB-2001.
XX
PF 26-JUL-2000; 2000WO-CA00870.
XX
PR 27-JUL-1999; 99US-0361619.
XX
PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX
PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX
DR WPI: 2001-159722/16.
DR P-PSDB: AAB69147.
XX
PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
XX useful in protective vaccines and for diagnosis
XX
PS Example 14; Fig 17; 247pp; English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents a
CC M. catarrhalis strain 4223 200kDa partial nucleotide sequence, which is
CC used in an example from the present invention.
XX
SQ Sequence 720 BP; 201 A; 142 C; 140 G; 237 T; 0 other;

Query Match 2.9%; Score 179; DB 22; Length 720;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.3e-36;
Matches 179; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

OY 1 ATGAATCACATCTATTAAGCATCTTAAACAAGCCACAGGCAACATTTATGCGAGTGGCA 60
Db 542 ATGAATCACATCTATTAAGCATCTTAAACAAGCCACAGGCAACATTTATGCGAGTGGCA 601
OY 61 GAGTAGCCCAAAATCCACAGCAGGCGGGGAGTGTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 120
Db 602 GAGTAGCCCAAAATCCACAGCAGGCGGGGAGTGTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 661
OY 121 GTATGCACCTGTAGCTTGGCCGCTATTTGCCGCGCTGTCTGTGATCGGTGCAAC 179

```


Db 662 GATGACACTGTGAGCTTTGGCCGTAFTGGCGGCTGCTGCTGCTGATGATGATGAC 720

RESULT 12

AAA92496
ID AAA92496 standard; DNA; 3030 BP.

AC AAA92496;

DT 17-JAN-2001 (first entry)

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NTHI strain M407.

KW Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NTHI: infection; vaccine;
KW non-typeable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
KW antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicemia; otitis media;
KW diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.

PN WO20005191-A2.

PD 21-SEP-2000.

PF 16-MAR-2000; 2000WO-CA00289.

PR 16-MAR-1999; 99US-0268347.

PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

PI Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

DR WPI: 2000-618897/59.

DR P-PSDB: AAB23857.

PT Novel nucleic acid encoding Hemophilus influenzae adhesin protein, for
PT use as antigens and vaccines and for treating Hemophilus influenzae
PT infection

PS Claim 1; Fig 21; 275pp; English.

XX The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia)
XX gene from the non-typeable Haemophilus influenzae (NTHI) strain M407.
XX CC Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial
XX activities, and can be used in the production of a vaccine. An
XX CC immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded
XX by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing
XX CC protection against disease caused by Haemophilus strains in a
XX susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an
XX antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier
XX for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia
XX is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus
XX influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicemia and otitis
XX media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the
XX protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus
XX influenzae species. A truncated protein has a significantly higher
XX amount of recovery than a full-length protein.

CC Sequence 3030 BP; 965 A; 596 C; 786 G; 683 T; 0 other;

XX Query Match 2.4%; Score 146.2; DB 21; Length 3030;

XX Best Local Similarity 58.4%; Pred. No. 1.4e-27;

XX Matches 281; Conservative 0; Mismatches 188; Indels 12; Gaps 1;

OY 5659 AATCTGACGCGACAGGTACACACACAGAGTGTCAACGGTACGGTTAAAGC 5718

DB 2540 AATCTGAGTGTACGCGGCGGTAACTGCTGGCGCAACGGTACGGTAAAGCG 2599

OY 5719 TTCTGCGACAAAGCGGTTGGTGGTCTCCGTGGGTGCTCAGTGGTCAAGCCGT 5778

DB 2600 TTCTGCGGTGCAACGCGACGCTGGTCTGCTGGCGCAAGTGGCAAGAAAGACGT 2659

OY 5779 ATCCAAATGTGCGACAGGTGAGTGCACCGACCGATCGGTCAATGTGTAGC 5838
DB 2660 ATCCAAAGCTGCGCGGCGGCGCAATTTCCGCTACTTCCACAGATGATTAAGGTAGC 2719
OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCCAAGCATTTGCCAACGCAATGAGCTTGACCATCGTATC 5898
DB 2720 CAGTTGTATGCTGTGCAAAAGGGGTAAACAAC-----CTTCTGGACAAGTG 2767
OY 5899 CACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGAGGATTTTCATCAGCGATGCGGTCCATG 5958
DB 2768 AATTAAGTGGGCAACAGCTGACGATGACAGTACAGTATGCGGCTTCACAGTTA 2827
OY 5959 CCACAGCCTTACATTCCTGCGAGATCCATGTTACCGGGGATTTCCACCCACACAGGT 6018
DB 2828 CCACAGCCTTACATTCCTGCGAGATTAATGATGTTTATTCGGGAAGTATATCAAGT 2887
OY 6019 CAAAGTGGTGGCAGTGGGAGCTGTGGAAGCTGTGGAATGATGATGATTTTAA 6078
DB 2888 CAAAGTGGTGGTGGTGGGATTCAGATTTCCGATTAATGCAAGTATATTCGC 2947
OY 6079 ATCAATGTTTACAGCCGATACCCAGCCATGTAGGGCGGCGAGTTGTGAGTTTAC 6138
DB 2948 TTGTACGGGCAACCAATAGCCAAAGGTTAAACAGCGGTTGACAGCAGTGTGTTACAG 3007
OY 6139 T 6139
DB 3008 T 3008

RESULT 13

AAA92493
ID AAA92493 standard; DNA; 3036 BP.

AC AAA92493;

DT 17-JAN-2001 (first entry)

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NTHI strain 33.

KW Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NTHI: infection; vaccine;
KW non-typeable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
KW antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicemia; otitis media;
KW diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.

PN WO20005191-A2.

PD 21-SEP-2000.

PF 16-MAR-2000; 2000WO-CA00289.

PR 16-MAR-1999; 99US-0268347.

PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

PI Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

DR WPI: 2000-618897/59.

DR P-PSDB: AAB23854.

PT Novel nucleic acid encoding Hemophilus influenzae adhesin protein, for
PT use as antigens and vaccines and for treating Hemophilus influenzae
PT infection

PS Claim 1; Fig 18; 275pp; English.

XX The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia)
XX gene from the non-typeable Haemophilus influenzae (NTHI) strain 33.
XX CC Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial
XX activities, and can be used in the production of a vaccine. An
XX immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded
XX by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing

CC protection against disease caused by Haemophilus strains in a
 CC susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an
 CC antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier
 CC for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia
 CC is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus
 CC influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicaemia and otitis
 CC media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the
 CC protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus
 CC influenzae species. A truncated protein has a significantly higher
 CC amount of recovery than a full-length protein.

XX Sequence 3036 BP; 965 A; 579 C; 799 G; 693 T; 0 other:

Query Match 2.4%; Score 144.6; DB 21: Length 3036;
 Best Local Similarity 58.2%; Pred. No. 3.6e-27;
 Matches 280; Conservative 0; Mismatches 189; Indels 12; Gaps 1;

OY 5659 AATCTGAGGCGACGACGATACCAACCAACGAGGTCACCGGTGTAAGGC 5718
 DB 2555 AATCTGATGATGCGGCGGTAACACTGACACTGATGTAACGCGC 2614
 OY 5719 TTTGCTGACAAACGCGGTGCGCTCTCCGCGTCCAGTGTGTAAGCGGT 5778
 DB 2615 TTTGCGGTCGCAACGCGCGAGCGGTCTCTGTCGCGCAAGCGCGCAAGAACGCT 2674
 OY 5779 ATCCAAATGTGCGACGAGTGAAGTCACTGCCACGACCGAGTGCATATGTGAC 5838
 DB 2675 ATCCAAACGTTGCGCGCGCAAAATTTCCGCTACTTCCACCGATGCAATTAAGCGACG 2734
 OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGATGTACATGCTATC 5898
 DB 2735 CAGTTGTATGCGCGTGGCAAAAGGGTAAACAAAC-----CTTCTGAGACAGTG 2782
 OY 5899 CACCAAAACGAAATTAAGGCGCAATGAGGATTTCTATCAGCATGCGATGCGTCATG 5958
 DB 2783 AATTAAGTGGCGAAACGTCAGATGAGGTACAGCAAGTGAATTAAGGCTTACAGATTA 2842
 OY 5959 CCACAGCCTACATTCCTGCGAGATCCAGTTCATCCGGGGGTATTGCCACCAACGCT 6018
 DB 2843 CCACAAAGCCTCTATGTCAGGTAAATCAATGTTCTATTGCGGGAAGTATATCAAGCT 2902
 OY 6019 CAAGTGGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTCGATATGTCATATGCTATTTAA 6078
 DB 2903 CAAAGTGGTTATGATGCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAATGCAAGTATTTGCG 2962
 OY 6079 ATCAATGTTGACCGCATACCAAGCCATGTAGGGCGCGCATGTTGTCAGGTTTTCAC 6138
 DB 2963 TTGTCAGGCAACCAATTAAGTAAACAGGCGTTGTCAGAGGTGTTTACAG 3022
 OY 6139 T 6139
 DB 3023 T 3023

RESULT 14
 AAA92495
 ID AAA92495 standard; DNA; 3354 BP.

XX AAA92495:

XX 17-JAN-2001 (first entry)

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NTHI strain K9.

KW Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NTHI: infection; vaccine;
 KW non-typable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
 KW antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicaemia; otitis media;
 KW diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.

XX W0200055191-A2.

XX

PD 21-SEP-2000.

XX 16-MAR-2000; 2000MO-CA00289.

XX 16-MAR-1999; 99US-0268347.

XX (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

XX Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

XX WPI: 2000-618897/59.

XX P-PSDB: AAB23858.

XX Novel nucleic acid encoding Haemophilus influenzae adhesin protein, for
 XX use as antigens and vaccines and for treating Haemophilus influenzae
 XX infection

XX Claim 1; Fig 22; 275bp; English.

The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia)
 CC gene from the non-typable Haemophilus influenzae (NTHI) strain K9.
 CC Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial
 CC activities, and can be used in the production of a vaccine. An
 CC immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded
 CC by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing
 CC protection against disease caused by Haemophilus strains in a
 CC susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an
 CC antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier
 CC for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia
 CC is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus
 CC influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicaemia and otitis
 CC media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the
 CC protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus
 CC influenzae species. A truncated protein has a significantly higher
 CC amount of recovery than a full-length protein.

SO Sequence 3354 BP; 1082 A; 639 C; 866 G; 767 T; 0 other:

Query Match 2.3%; Score 139.8; DB 21: Length 3354;
 Best Local Similarity 57.6%; Pred. No. 7.1e-26;
 Matches 277; Conservative 0; Mismatches 192; Indels 12; Gaps 1;

OY 5659 AATTTGACGCGACAGGTACCAACCAACGAGGTGCAACCGGTGTAAGGC 5718
 DB 2864 AATTTGATGTATGACGCGCGGTACACTCAACTGTGCGACAAAGGCGTAAACGCG 2923
 OY 5719 TTTGCTGACAAACGCGGTGTTGGCGGTCTCCGCGGTGCTCAGGTCGCAAGCGCGT 5778
 DB 2924 TTTGCGGTGCAACGCGCGACGCTGCGGTCTCTGCGCGCAAGCGCGCAAGAAAGAGCT 2983
 OY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGGTAGGTGTCAGTCCACCAACGAGTGGGTGTCATATGTAAGC 5838
 DB 2984 ATCCAAACGTCGCGCGCGGGAATTTCCGCCATTCACCGATTTGATTAACGGCAGC 3043
 OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCAAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGAACATGTAATC 5898
 DB 3044 CAGTTGTATGCTG-----TGCAAAAGGGGTACAAATCTTCTGCGCAAGAGT 3091
 OY 5899 CACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGAGGATTTTCATCAGGAGGATGCGGTTCATG 5958
 DB 3092 AATTAAGTGGCAACAGTGCAGATGCAAGTACAGCAAGTGCATTAAGCACTTCAAGTTA 3151
 OY 5959 CCACAAAGCTTATCTCTGCGCATGCTTACCGGGGTATTTGCCACCAACCAACGCT 6018
 DB 3152 CCACAAAGCCTCTATGCGCAGGTAATCAATGTTCTTATGCGGGAAGTATGTAACAGGT 3211
 OY 6019 CAAGTGGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCAATATGTTCAATGGGTATTTAA 6078
 DB 3212 CAAATGTTTATGCTATGCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAAGCAAGTATATTCGC 3271
 OY 6079 ATCAATGTTGACCGCATACCAAGGCAATGTAAGGGCGCGCATGTTGTCAGGTTTTCAC 6138
 DB 3272 TTGTCAGGCAACCAATTAAGTAAACAGGCGTTGTCAGAGGTGTTGTTACAG 3331

GenCore version 5.1.4.P5_4578
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 16, 2003, 05:43:25 ; Search time 10026.1 Seconds
(without alignments)
17825.452 Million cell updates/sec

Title: US-09-361-619-6
Perfect score: 6141
Sequence: 1 atgaatcacatctataaagt.....ttgtgtcaggttttcacttt 6141

Scoring table: IDENTITY_NNC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 2054640 segs, 14551402878 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 4109280

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl: *
1: gb_ba: *
2: gb_htg: *
3: gb_in: *
4: gb_om: *
5: gb_ov: *
6: gb_pat: *
7: gb_ph: *
8: gb_pl: *
9: gb_pr: *
10: gb_ro: *
11: gb_sts: *
12: gb_sy: *
13: gb_un: *
14: gb_vi: *
15: em_ba: *
16: em_fun: *
17: em_hum: *
18: em_in: *
19: em_mu: *
20: em_om: *
21: em_or: *
22: em_ov: *
23: em_ph: *
24: em_pi: *
25: em_pi: *
26: em_ro: *
27: em_sts: *
28: em_un: *
29: em_vi: *
30: em_htg_hum: *
31: em_htg_inv: *
32: em_htg_other: *
33: em_htg_mus: *
34: em_htg_pln: *
35: em_htg_rod: *
36: em_htg_mam: *
37: em_htg_vit: *
38: em_sy: *
39: em_htg_hum: *
40: em_htg_mus: *
41: em_htg_other: *

score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	6141	100.0	6141	6 AX079918	AX079918 Sequence
2	6141	100.0	6972	6 AX079917	AX079917 Sequence
3	6130	99.8	6973	6 AR040716	AR040716 Sequence
4	6130	99.8	6973	6 AX079913	AX079913 Sequence
5	6119	99.6	6975	6 AR181131	AR181131 Sequence
6	5976	97.3	6259	6 AX079914	AX079914 Sequence
7	5975	97.3	6259	6 AX079924	AX079924 Sequence
8	4101.6	66.8	6159	6 AX079920	AX079920 Sequence
9	4042.2	65.8	6282	1 AY077637	AY077637 Moraxella
10	3973.4	64.7	62909	6 AX067457	AX067457 Sequence
11	3132	51.0	3135	6 AX079957	AX079957 Sequence
12	2734.2	44.5	7286	1 AY077638	AY077638 Moraxella
13	2590	42.2	6942	6 AX079922	AX079922 Sequence
14	2448	39.9	2448	6 AX079959	AX079959 Sequence
15	146.2	2.4	3030	6 AR181429	AR181429 Sequence
16	144.6	2.4	3036	6 AR181426	AR181426 Sequence
17	92.4	1.5	3900	1 PMU277635	PMU277635 Pasteurel
18	92.4	1.5	10533	1 AE006194	AE006194 Pasteurel
19	88.8	1.4	11258	1 AE013787	AE013787 Yersinia
20	88.8	1.4	193050	1 AJ414149	AJ414149 Yersinia
21	87.6	1.4	147671	2 AC105625	AC105625 Rattus no
22	84.2	1.4	5334	6 AX276139	AX276139 Sequence
23	84.2	1.4	6678	6 AX276136	AX276136 Sequence
24	83.6	1.4	2037	6 AR138422	AR138422 Sequence
25	82.8	1.3	3294	6 AR138420	AR138420 Sequence
26	82.8	1.3	3294	6 AR181438	AR181438 Sequence
27	82.8	1.3	3294	6 I55122	I55122 Sequence 1
28	82.8	1.3	3701	1 HU38617	HU38617 Haemophilus
29	82.6	1.3	6091	6 AR204304	AR204304 Sequence
30	82.6	1.3	7236	1 AB036416	AB036416 Escherich
31	82.6	1.3	11159	1 AE005587	AE005587 Escherich
32	82.6	1.3	280900	1 AF002566	AF002566 Escherich
33	82	1.2	2079	6 AR181427	AR181427 Sequence
34	76.6	1.2	1812	6 AR181433	AR181433 Sequence
35	76.4	1.2	3300	6 AR181430	AR181430 Sequence
36	76.4	1.2	7062	1 U41852	U41852 Haemophilus
37	76.4	1.2	7253	6 AR181432	AR181432 Sequence
38	76.4	1.2	7291	6 AR138421	AR138421 Sequence
39	75.2	1.2	20651	1 AE008871	AE008871 Salmonell
40	75	1.2	11650	1 U32846	U32846 Haemophilus
41	74.4	1.2	3324	1 AY277623	AY277623 Salmonell
42	74.4	1.2	245050	1 AL627280	AL627280 Yersinia
43	70.2	1.1	15021	1 AE003982	AE003982 Yersinia
44	68.6	1.1	11156	1 AE013929	AE013929 Yersinia
45	68.6	1.1	208050	1 AJ414145	AJ414145 Yersinia

ALIGNMENTS

RESULT 1
AX079918
LOCUS AX079918 6141 bp DNA
DEFINITION Sequence 6 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079918
VERSION AX079918.1 GI:13159439
KEYWORDS
SOURCE Moraxella catarhalis.
ORGANISM Moraxella catarhalis.
Bacteria: Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6141)
AUTHORS Loomis, S.M., Sasaki, K., Yang, Y.P. and Klein, M.H.
TITLES Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of moraxella

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

Db	1981	AAAAATGCCGGCGAGTCACACATCTTAAACCTCAAAAGGTAAAAAGGTCCTAACGGTTGCT	2040
0Y	2041	ACCAAAAAAGATGGTATACGTTTACCTTTGGGCTTAGCCAAGATAGGGCTGTCACATTGGC	2100
Db	2041	ACCAAAAAAGATGGTATACGTTTGGGCTTAGCCAAGATAGGGGTCGTGACATTGGC	2100
0Y	2101	AAAAGCACCTTAACACACATGCGCTTGACTTTAAAGATACCAACGAAACAAATCCAACTC	2160
Db	2101	AAAAGCACCTTAACCAACGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAACGAAACAAATCCAACTC	2160
0Y	2161	GGTGTATAGGCATTAAATTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGATACAGTACGCTTGTGCA	2220
Db	2161	GGTGTATAGGCATTAAATTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGATACAGTACGCTTGTGCA	2220
0Y	2221	AATACCGCTGCATTATACACAGATAAAAATGGCTTGCTGGTTCGATGAGTGCAGTTGAT	2280
Db	2221	AATACCGCTGCATTATACACAGATAAAAATGGCTTGCTGGTTCGATGAGTGCAGTTGAT	2280
0Y	2281	ACAAACAACCTTATCTTGATCAAGACACAGCTAACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2340
Db	2281	ACAAACAACCTTATCTTGATCAAGACACAGCTAACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2340
0Y	2341	ACTGGCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATTCACAGGGCTGTCCCAACACTGCTTAGCATTT	2400
Db	2341	ACTGGCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATTCACAGGGCTGTCCCAACACTGCTTAGCATTT	2400
0Y	2401	GCCGATCAAAAGTAGCCCGCAACATAGAACTGGGCAATACATCAACAGACAAAGACAAATCC	2460
Db	2401	GCCGATCAAAAGTAGCCCGCAACATAGAACTGGGCAATACATCAACAGACAAAGACAAATCC	2460
0Y	2461	AAGCTGTCCAGCATTTAATGATATATTAAATPAAATPACAGGCTTTAACCTAAAAAATPAAACAC	2520
Db	2461	AAGCTGTCCAGCATTTAATGATATATTAAATPAAATPACAGGCTTTAACCTAAAAAATPAAACAC	2520
0Y	2521	CCCATGTACATTGTGTCCTCCACTTATGACATTTGTAATGCAATTTGCCAATGGCAATGCCACACC	2580
Db	2521	CCCATGTACATTGTGTCCTCCACTTATGACATTTGTAATGCAATTTGCCAATGGCAATGCCACACC	2580
0Y	2581	GCCACAGTAACCCATGATGTATACCGCTAACAAACACAGTAAAGTGGTATATGATGTGAATGTG	2640
Db	2581	GCCACAGTAACCCATGATGTATACCGCTAACAAACACAGTAAAGTGGTATATGATGTGAATGTG	2640
0Y	2641	GATGATACCAACCATTCATCTPACAGGCACTGATGACATATAAAAACTTGGCGCTCAAAAAC	2700
Db	2641	GATGATACCAACCATTCATCTPACAGGCACTGATGACATATAAAAACTTGGCGCTCAAAAAC	2700
0Y	2701	ACCAAACTGAACAAACACAACTGCTAATGCTAATPACAGCACTPAACTTTAATGTTAACTCT	2760
Db	2701	ACCAAACTGAACAAACAAACAACTGCTAATGCTAATPACAGCACTPAACTTTAATGTTAACTCT	2760
0Y	2761	AGTATGATGAAGTGGCCCTTGTTAAAGCCCAAAAGACATGGCCGAAATCTPAAACCCCTAGCC	2820
Db	2761	AGTATGATGAAGTGGCCCTTGTTAAAGCCCAAAAGACATGGCCGAAATCTPAAACCCCTAGCC	2820
0Y	2821	AAGGAATTCACACACAAAGGACAGAGACACCGCCCTTCAAACTTTAACCGTTAAA	2880
Db	2821	AAGGAATTCACACACAAAGGACAGAGACACCGCCCTTCAAACTTTAACCGTTAAA	2880
0Y	2881	AAGGTATATGAATAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATPACCGTGGGTCAAAAAGAC	2940
Db	2881	AAGGTATATGAATAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATPACCGTGGGTCAAAAAGAC	2940
0Y	2941	GCAATATATCAAGTCAACACACCCCTPACACATCAAAAGGTGAAAGGCGTCTTAATTTAAAC	3000
Db	2941	GCAATATATCAAGTCAACACACCCCTPACACATCAAAAGGTGAAAGGCGTCTTAATTTAAAC	3000
0Y	3001	GACAAAAATGTATACGTTTACCTTTGGCATTAACACACAAAGGCGTCTTAAAGCCGGCAAA	3060
Db	3001	GACAAAAATGTATACGTTTACCTTTGGCATTAACACACAAAGGCGTCTTAAAGCCGGCAAA	3060
0Y	3061	AGCAACCTTAAACGAGCGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCACTGTGAGCAACAAATCCAA	3120
Db	3061	AGCAACCTTAAACGAGCGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCACTGTGAGCAACAAATCCAA	3120

Dd	3061	AGACCCCTTAACGACGGGTGGCTTGTCATTTAAAAAACCCTACTGGTAGACCAAAATCCAA	3120
Qy	3121	GTCGGGTGCATGAGGCCGTGAAGTGTGGCCAAGGTAAATAATAAGTGTGTAGTGGTCGGC	3180
Dd	3121	GTTCGGGTGCATGAGGCCGTGAAGTGTGGCCAAGGTAAATAATAAGTGTGTAGTGGTCGGC	3180
Qy	3181	ATTGATGGCACAACTCGCATTTACACAGAGATGAAATTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3240
Dd	3181	ATTGATGGCACAACTCGCATTTACCAAGATGAAATTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3240
Qy	3241	CMTGATAAAGAACAACCCCACTTAAGCAAGAAGCGCATTTAACCGCAGTGGTAAAAGATT	3300
Dd	3241	CTTGATAAAAAGCAAAACCCCACTTAACCAAGAAGCGCATTTAACCGCAGTGGTAAAAGATT	3300
Qy	3301	ACCAACATTTCAATCAGGTAGAGATTGGCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAG	3360
Dd	3301	ACCAACATTTCAATCAGGTAGAGATTGGCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAG	3360
Qy	3361	ATTATGATTTTAAAAACCGAAGCTGMAAAACAAAATCAGCAGTACCTGCAAAACAGCACAA	3420
Dd	3361	ATTATGATTTTAAAAACCGAAGCTGMAAAACAAAATCAGCAGTACCTGCAAAACAGCACAA	3420
Qy	3421	AACATCTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAAACAAGGTAAATPACTTTACGGTTAGTAAC	3480
Dd	3421	AACATCTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAAACAAGGTAAATPACTTTACGGTTAGTAAC	3480
Qy	3481	CCATTACTCAGTTATGACACCTCTCAAAGACCTCGATGATACACCTTGTCAGGTGAAAC	3540
Dd	3481	CCATTACTCAGTTATGACACCTCTCAAAGACCTCGATGATGATACACCTTGTCAGGTGAAAC	3540
Qy	3541	GGCATTACCAACCAAGGTAATAAAGGTGTGGTGGCTGTGGGCAATTGACCAAAACCAAAAGC	3600
Dd	3541	GGCATTACCAACCAAGGTAATAAAGGTGTGGTGGCTGTGGGCAATTGACCAAAACCAAAAGC	3600
Qy	3601	TTAACCAAGCCCTTAAGCTGACCGCTGGTATTAATAAGGCAAAAGCATTTGCTATTGACAC	3660
Dd	3601	TTAACCAAGCCCTTAAGCTGACCGCTGGTATTAATAAGGCAAAAGCATTTGCTATTGACAC	3660
Qy	3661	CAAAATGTCAAAATTCSCATCAAGAGACTACAGCAACACTCTAGCTATGTTACCAATGAT	3720
Dd	3661	CAAAATGTCAAAATTCSCATCAAGAGACTACAGCAACACTCTAGCTATGTTACCAATGAT	3720
Qy	3721	AAAGTAGCGGTACGCACCAAGAACAGGGCAATATATATCAAAAGACGAACAAACCCGT	3780
Dd	3721	AAAGTAGCGGTACGCACCAAGAACAGGGCAATATATATCAAAAGACGAACAAACCCGT	3780
Qy	3781	GGCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTCGACAGGCATAGTGTGAGCG	3840
Dd	3781	GGCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTCGACAGGCATAGTGTGAGCG	3840
Qy	3841	GTTGACTTGTGTCCACCTATGACACCGTCACACTTTGGCGATGGGCAATGGCCACACCGCT	3900
Dd	3841	GTTGACTTGTGTCCACCTATGACACCGTCACACTTTGGCGATGGGCAATGGCCACACCGCT	3900
Qy	3901	AAGGTGACCTATGATGATGACACAAGCAAAACACAGTAAAGTGGTATGATGTTCAATGTGAT	3960
Dd	3901	AAGGTGACCTATGATGATGATGACACAAGCAAAACACAGTAAAGTGGTATGATGTTCAATGTGAT	3960
Qy	3961	GATACACCACTTGAAGTTAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAACCAACCACTTGAACAGT	4020
Dd	3961	GATACACCACTTGAAGTTAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAACCAACCACTTGAACAGT	4020
Qy	4021	ACTGGCAGCGGTGAATTAATTTGGCCCAACCAANTCAAGCTACGTGGCGATGGCGCTTGC	4080
Dd	4021	ACTGGCAGCGGTGAATTAATTTGGCCCAACCAANTCAAGCTACGTGGCGATGGCGCTTGC	4080
Qy	4081	AAGGCCAGTGAATGTTGCTCATCTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGGCAAA	4140
Dd	4081	AAGGCCAGTGAATGTTGCTCATCTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGGCAAA	4140
Qy	4141	GGGGCAAGCCAAAGCAACAATCTCAGACGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATAAAGTCAATC	4200
Dd	4141	GGGGCAAGCCAAAGCAACAATCTCAGACGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATAAAGTCAATC	4200

Oy	4201	TTATACAGTATCCGATTAACGAAGTACTATCAAGCCAAATAATGTATGGCACAGTTGATTAATAAC	4260
Oy	4201	TATGACAGTATCCGATTAACGAAGTACTATCAAGCCAAATAATGTATGGCACAGTTGATTAATAAC	4260
Oy	4261	AAAGAAGTTGCCAAACACAACTGGTCGGCCAAAGCCCAACCCAGATGGCACATTGGCT	4320
Db	4261	AAAGAAGTTGCCAAACACAACTGGTCGGCCAAAGCCCAACCCAGATGGCACATTGGCT	4320
Oy	4321	CAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAAACAAGAACAAGTAATGTATGGCATTAATAAGCAA	4380
Db	4321	CAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAAACAAGAACAAGTAATGTATGGCATTAATAAGCAA	4380
Oy	4381	GGCATCAATGAAACACAAAGCGCTTTGTTAAAGACCTGAAAAAGCCGGCTTCGATTAACAA	4440
Db	4381	GGCATCAATGAAACACAAAGCGCTTTGTTAAAGACCTGAAAAAGCCGGCTTCGATTAACAA	4440
Oy	4441	ACCAAAAAGCCGCGAGTAACCTGTGGTGATTTTAAATGCCCTTTGCCCAAACCCGCTGACC	4500
Db	4441	ACCAAAAAGCCGCGAGTAACCTGTGGTGATTTTAAATGCCCTTTGCCCAAACCCGCTGACC	4500
Oy	4501	TTTTCACAGGAGTACAGGCACAACGGCTAAAAAACCTGGCGAGACTTTGACCATTAAGT	4560
Db	4501	TTTTCAGAGGATACAGGCACAACGGCTAAAAAACCTGGCGAGACTTTGACCATTAAGT	4560
Oy	4561	GGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTGACAGTACTGAT	4620
Db	4561	GGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTGACAGTACTGAT	4620
Oy	4621	GGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAAATGACAGTGGC	4680
Db	4621	GGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAAATGACAGTGGC	4680
Oy	4681	ACCAAAATTTGATFACAAGAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4740
Db	4681	ACCAAAATTTGATFACAAGAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4740
Oy	4741	ACCCCTGTGCTAAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAGAGTATCAGTAATGTGGGC	4800
Db	4741	ACCCCTGTGCTAAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAGAGTATCAGTAATGTGGGC	4800
Oy	4801	AAAGGCACAAAAGATACCGACGCTGGCCATGTACAAAGTAAAGCAAGTACGCAACTTG	4860
Db	4801	AAAGGCACAAAAGATACCGACGCTGGCCATGTACAAAGTAAAGCAAGTACGCAACTTG	4860
Oy	4861	TTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGGTAAACATTGGCCGAC	4920
Db	4861	TTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCGCAATCAGGTAAACATTGGCCGAC	4920
Oy	4921	ATCAAAAAAGACCCCAATTAAGTTCATATCATAACCGCACGTATCAAAAGCAGGACG	4980
Db	4921	ATCAAAAAAGACCCCAATTAAGTTCATATCATAACCGCACGTATCAAAAGCAGGACG	4980
Oy	4981	GTACTTGGCGGTAAAGTAAATTAACGATACCGAAAACTTGCACGTGGTATACAAATG	5040
Db	4981	GTACTTGGCGGTAAAGTAAATTAACGATACCGAAAACTTGCACGTGGTATACAAATG	5040
Oy	5041	GGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAAACCAA	5100
Db	5041	GGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAAACCAA	5100
Oy	5101	AAAGATGGACACAAAAGAGCCGTGTGCGCACTTAATACGCGCAGGTACAGCAACTAT	5160
Db	5101	AAAGATGGACACAAAAGAGCCGTGTGCGCACTTAATACGCGCAGGTACAGCAACTAT	5160
Oy	5161	TTGACCAACAACCCCGCAGAAGCCATTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTTTC	5220
Db	5161	TTGACCAACAACCCCGCAGAAGCCATTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTTTC	5220
Oy	5221	CATGTCAACGATGGCATTAAGAGCCGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGATTTGACCAAGT	5280
Db	5221	CATGTCAACGATGGCATTAAGAGCCGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGATTTGACCAAGT	5280
Oy	5281	CATGTCAACGATGGCATTAAGAGCCGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGATTTGACCAAGT	5340
Db	5281	CATGTCAACGATGGCATTAAGAGCCGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGATTTGACCAAGT	5340

QY	5281	GCCTCAGGCAGCACTCCTGTTGGCATTAGTTTCCAGGCGCAAGGAGATGGTGAAGCCGCC	5340	
Db	5281	GCCTCAGGCAGCACTCCTGTTGGCATTAGTTTCCAGGCGCAAGGAGATGGTGAAGCCGCC	5340	
QY	5341	GTTGCGCATAGGCAGCAACCAACCAAGCAGGCACCAATCCATCGGCATCGTGTAAACGCA	5400	
Db	5341	GTTGCGCATAGGCAGCAACCAACCAAGCAGGCACCAATCCATCGGCATCGTGTAAACGCA	5400	
QY	5401	CAAGCCACGGGCGATTCATTCATCGCCATCGGTTACAGGCAATGTGTATAGCAAGTAAACAC	5460	
Db	5401	CAAGCCACGGGCGATTCATTCATCGCCATCGGTTACAGGCAATGTGTATAGCAAGTAAACAC	5460	
QY	5461	TCTGTGCGCATCGGAGCACCAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGGTAAAT	5520	
Db	5461	TCTGTGCGCATCGGAGCACCAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTGTAGTGTGGGTAAAT	5520	
QY	5521	AACCAACCAAGTTTACCGATGCCACTTAACCGATGTCCTTGGTGTGGGCAATTAACATCAAC	5580	
Db	5521	AACCAACCAAGTTTACCGATGCCACTTAACCGATGTCCTTGGTGTGGGCAATTAACATCAAC	5580	
QY	5581	GTTGACCGAAAGTAATCTCGGTTGCCCTTACGTTCAAACTCTGCCATCAGTACAGCAGCAAC	5640	
Db	5581	GTTGACCGAAAGTAATCTCGGTTGCCCTTACGTTCAAACTCTGCCATCAGTACAGCAGCAAC	5640	
QY	5641	GCAGGCACACCAAGCAAAAAATCTGACGCGCACAGCAGGTACACACCACCAAGCAGGTGCA	5700	
Db	5641	GCAGGCACACCAAGCAAAAAATCTGACGCGCACAGCAGGTACACACCACCAAGCAGGTGCA	5700	
QY	5701	ACCGGTACCGGTTAAAGCGCTTTCGTGGACAACCGCGGTTGGTGGCGGTCCTCGGTGGGTGC	5760	
Db	5701	ACCGGTACCGGTTAAAGCGCTTTCGTGGACAACCGCGGTTGGTGGCGGTCCTCGGTGGGTGC	5760	
QY	5761	TCAGGTGCTGAAAGCGCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAAGTCAAGTGCACACGACAC	5820	
Db	5761	TCAGGTGCTGAAAGCGCGGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAAGTCAAGTGCACACGACAC	5820	
QY	5821	GATGCGGCTCATGTGTAGCAGCTTGTACAAAGCCACCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCAAT	5880	
Db	5821	GATGCGGCTCATGTGTAGCAGCTTGTGTACAAAGCCACCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCAAT	5880	
QY	5881	GAGCTTGAACCATCGTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGCG	5940	
Db	5881	GAGCTTGAACCATCGTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGCG	5940	
QY	5941	ATGCGGATGCGCTCATGCGCACACGCTTACATCTCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT	6000	
Db	5941	ATGCGGATGCGCTCATGCGCACACGCTTACATCTCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT	6000	
QY	6001	ATTGCGACCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGCGGAGTGGAGTCTGCAAACTGTGCGATAT	6060	
Db	6001	ATTGCGACCCACCAACGCGTCAAGGTGCGGCGGAGTGGAGTCTGCAAACTGTGCGATAT	6060	
QY	6061	GCTCAATGGGATTTTAAATCAATGTGTTACGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGCGGCA	6120	
Db	6061	GCTCAATGGGATTTTAAATCAATGTGTTACGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGCGGCA	6120	
QY	6121	GTTGTCGACGATTTTCATCTT	6141	
Db	6121	GTTGTCGACGATTTTCATCTT	6141	
RESULT 2	AX079917	6972 bp	Linear	PAT 22-FEB-2001
LOCUS	AX079917	Sequence 5 from Patent WO010719.		
DEFINITION	AX079917			
ACCESSION	AX079917.1	gi:13159438		
VERSION	AX079917.1			
KEYWORDS				
SOURCE	Moraxella catarrhalis.			
ORGANISM	Moraxella catarrhalis.			
	Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;			
REFERENCE	1 (bases 1 to 6972)			

AUTHORS Loosmore, S.M., Sasaki, K., Yang, Y.P. and Klein, M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella

JOURNAL Patent: WO 0107619-A 5 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES Location/Qualifiers

source 1. 6972
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"

BASE COUNT 2265 a 1555 c 1532 g 1620 t
ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 6141; DB 6; Length 6972;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGAATCATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAAGCCACAGGCACATTTATGGCACTGSCA 60
DB 542 ATGAATCATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAAGCCACAGGCACATTTATGGCACTGSCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGTACTGCTGTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGTACTGCTGTACAGGGCAAGTTGGCAGT 661
QY 121 GTATGCACTGTAGGCTTTGCCGTAATGCGCGCTGCGTGTCTCTGTATGCGTGCACAG 180
DB 662 GTATGCACTGTAGGCTTTGCCGTAATGCGCGCTGCGTGTCTCTGTATGCGTGCACAG 721
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTGGTGAACAA 240
DB 722 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTGGTGAACAA 781
QY 241 AACGAGCCAAAGCGCTGACGCTGCCAAGGGGGAGCGGTGATGCGAGCCATTGCTTATGT 300
DB 782 AACGAGCCAAAGCGCTGACGCTGCCAAGGGGGAGCGGTGATGCGAGCCATTGCTTATGT 841
QY 301 GAAATAGCTAACGCACAGCGGGGCTCAACCATCGCCATCGGTAGTAAATAAACTGTC 360
DB 842 GAAATAGCTAACGCACAGCGGGGCTCAACCATCGCCATCGGTAGTAAATAAACTGTC 901
QY 361 AATGAGACATTTTGGATTAAGATAGTACCAGTGTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCATC 420
DB 902 AATGAGACATTTTGGATTAAGATAGTACCAGTGTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCATC 961
QY 421 GGTGGTATGTAAGCGCTAGTGGTATGCTCGATTTGCCATCGGTAGTAACTTAACT 480
DB 962 GGTGGTATGTAAGCGCTAGTGGTATGCTCGATTTGCCATCGGTAGTAACTTAACT 1021
QY 481 TTGCTTGATCAGATGTAATCCTAAACATCCGAAAGGTACTGTGATTACGATCTTAT 540
DB 1022 TTGCTTGATCAGATGTAATCCTAAACATCCGAAAGGTACTGTGATTACGATCTTAT 1081
QY 541 AACGGCCATGCAATTTTAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGATATGATGTAATATATGA 600
DB 1082 AACGGCCATGCAATTTTAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGATATGATGTAATATATGA 1141
QY 601 CGCACAACCGGAGGAGCAGCGCCAGTACTGAGTGGAGGCCATGCTATATGACATAGGT 660
DB 1142 CGCACAACCGGAGGAGCAGCGCCAGTACTGAGTGGAGGCCATGCTATATGACATAGGT 1201
QY 661 CATTTTTCACAGCGCTTTGGTACACAGGCAACAGCTAAAGGCTTATTCCTTTGGCAGTG 720
DB 1202 CATTTTTCACAGCGCTTTGGTACACAGGCAACAGCTAAAGGCTTATTCCTTTGGCAGTG 1261
QY 721 GGTCTTGGCGGCACAGCGGAGGCAATCTACATCGCTATTGGTTCTGATGCAACATCT 780
DB 1262 GGTCTTGGCGGCACAGCGGAGGCAATCTACATCGCTATTGGTTCTGATGCAACATCT 1321
QY 781 AGCTGTTGGGAGGATAGCCCTTGTGAGGTATCTCGAGTCACTACAGGGCAGTAT 840
DB 1322 AGCTGTTGGGAGGATAGCCCTTGTGAGGTATCTCGAGTCACTACAGGGCAGTAT 1381
QY 841 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGATTAATTTAGACCGGCTATACA 900

DB 1382 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGATTAATTTAGACCGGCTATACA 1441
QY 901 CCAATTAACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGGTCCA 960
DB 1442 CCAATTAACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGGTCCA 1501
QY 961 CTTTCCATTGGTATGTAATCTATCAAGGTAATATCAATATGCTGAGCTTAT 1020
DB 1502 CTTTCCATTGGTATGTAATCTATCAAGGTAATATCAATATGCTGAGCTTAT 1561
QY 1021 AAAACCGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAGAGCGGTGTAAGTGGGCTAAGAGGCT 1080
DB 1562 AAAACCGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAGAGCGGTGTAAGTGGGCTAAGAGGCT 1621
QY 1081 AGAATTAATCTTTCAGGCTGATGATATACAGTACTGACGTAATAATAGTTTGGATATCT 1140
DB 1622 AGAATTAATCTTTCAGGCTGATGATATACAGTACTGACGTAATAATAGTTTGGATATCT 1681
QY 1141 TTAATTAATAAGGTGTCAGACAGCAACGATTAACCGATTAATATATGCTGTGTA 1200
DB 1682 TTAATTAATAAGGTGTCAGACAGCAACGATTAACCGATTAATATATGCTGTGTA 1741
QY 1201 AAAGAGCTGATATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTAAACTTTAAACAATCTTACT 1260
DB 1742 AAAGAGCTGATATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTAAACTTTAAACAATCTTACT 1801
QY 1261 GAGTGAATACACTAATTAATTAATGCAACACAGTTAAAGTATGATAGTATG 1320
DB 1802 GAGTGAATACACTAATTAATTAATGCAACACAGTTAAAGTATGATAGTATG 1861
QY 1321 ACTACAGTGAATTTATAGTATAGTTAACTTATACCGGCCAATACAGGCGTCAA 1380
DB 1862 ACTACAGTGAATTTATAGTATAGTTAACTTATACCGGCCAATACAGGCGTCAA 1921
QY 1381 AGCACAACCAAAACCGCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTAATATGCAAGAA 1440
DB 1922 AGCACAACCAAAACCGCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTAATATGCAAGAA 1981
QY 1441 ACAGCAGCAATCGGCACACTACTGTTTACACAGATTAATTTGGCTTGTCTGAGATG 1500
DB 1982 ACAGCAGCAATCGGCACACTACTGTTTACACAGATTAATTTGGCTTGTCTGAGATG 2041
QY 1501 GATGTTGTAAGAAACCAAGCAACATATTTGATTAACCAACTAAAGTGGTGTG 1560
DB 2042 GATGTTGTAAGAAACCAAGCAACATATTTGATTAACCAACTAAAGTGGTGTG 2101
QY 1561 GCAATTAACCATAGACATGCGCATTTGATGACAGGTATTAATAAGATCAGTAATCTTCCAAA 1620
DB 2102 GCAATTAACCATAGACATGCGCATTTGATGACAGGTATTAATAAGATCAGTAATCTTCCAAA 2161
QY 1621 GGTACAGTGTCTACAGATGCGGTTACCATCGACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCTTTA 1680
DB 2162 GGTACAGTGTCTACAGATGCGGTTACCATCGACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCTTTA 2221
QY 1681 AACGAGGCGCTGGCATGATGATGTCACACCTACTGTAATATGCTGATGCTAAGGTGGC 1740
DB 2222 AACGAGGCGCTGGCATGATGATGTCACACCTACTGTAATATGCTGATGCTAAGGTGGC 2281
QY 1741 AATGTTACCGCCCAACTTACAACTTTGCGGAAACCCAGCCTTAACAGTATGGC 1800
DB 2282 AATGTTACCGCCCAACTTACAACTTTGCGGAAACCCAGCCTTAACAGTATGGC 2341
QY 1801 ACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGCTACGAACATATGCTTACCTCCGCA 1860
DB 2342 ACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGCTACGAACATATGCTTACCTCCGCA 2401
QY 1861 CATTTGGCAAGCTATCTAATGAATCAATCAAGGCTGAGAGTCTTACAAAGCTTT 1920
DB 2402 CATTTGGCAAGCTATCTAATGAATCAATCAAGGCTGAGAGTCTTACAAAGCTTT 2461
QY 1921 ACCGTTAAAGAAAGAGATGATGACGCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATACGACA 1980

D	b	2462	ACCCTTAAAGAAAGACATGATGACGCCAACGCCTATCACCCTGGCTTAAGATACGACA	2521
O	y	1981	AAAAATGCCGCGCAGTCAGCATCTTTAAAACCTCAAAGGTAAAGCGTCTAACGTTTGCT	2040
D	b	2522	AAAAATGCCGCGCAGTCAGCATCTTTAAAACCTCAAAGGTAAAGCGTCTAACGTTTGCT	2581
O	y	2041	ACCAAAAAAGATGATGCGTTACTTGGGCTTAGCCAGATAGGGGTGACCATTTGGC	2100
D	b	2582	ACCAAAAAAGATGATGCGTTACTTGGGCTTAGCCAGATAGGGGTGACCATTTGGC	2641
O	y	2101	AAAAGCACCCCTAACAACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAGACAAATCCAATGC	2160
D	b	2642	AAAAGCACCCCTAACAACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAGACAAATCCAATGC	2701
O	y	2161	GCTGCTAATGGCATTAATTTTCTAATGTGAATGTAGTAATCCAGTACTCTGGCATTTGCA	2220
D	b	2702	GCTGCTAATGGCATTAATTTTCTAATGTGAATGTAGTAATCCAGTACTCTGGCATTTGCA	2761
O	y	2221	AATTACCGCTGCGCATTAACAGAGATAAAATGGCTTGCTGTTCTCATGGTGCAGTTGAT	2280
D	b	2762	AATTACCGCTGCGCATTAACAGAGATAAAATGGCTTGCTGTTCTCATGGTGCAGTTGAT	2821
O	y	2281	ACAAACAAACCTTATCTTATCATCAGACAAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCAAC	2340
D	b	2822	ACAAACAAACCTTATCTTATCATCAGACAAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCAAC	2881
O	y	2341	ACTGGCATTTAAGCAGAGTGTAAAGCCTACAGGGCTGCCCCAACACAGCCTAGCATTT	2400
D	b	2882	ACTGGCATTTAAGCAGAGTGTAAAGCCTACAGGGCTGCCCCAACACAGCCTAGCATTT	2941
O	y	2401	GCCGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAGAACAAGCAAAATCC	2460
D	b	2942	GCCGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAGAACAAGCAAAATCC	3001
O	y	2461	AACGCGCCAGCATTAAT	2520
D	b	3002	AACGCGCCAGCATTAAT	3061
O	y	2521	CCCATTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTTGACTTTGGCAATGGCAATGGCACACACC	2580
D	b	3062	CCCATTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTTGACTTTGGCAATGGCAATGGCACACACC	3121
O	y	2581	GCCACAGTAAACCATGATATACCGCTAACAAAAACCAGTAAAGTGGTATATGATGTGAATGTG	2640
D	b	3122	GCCACAGTAAACCATGATATACCGCTAACAAAAACCAGTAAAGTGGTATATGATGTGAATGTG	3181
O	y	2641	GATGATACAAACATTCATCTATACAGGACGCTGATGACATTAATAAAACCTTGGCTCAAAACC	2700
D	b	3182	GATGATACAAACATTCATCTATACAGGACGCTGATGACATTAATAAAACCTTGGCTCAAAACC	3241
O	y	2701	ACCAAACTGAACAAACAAAGTGTCTAATGTGAATACAGCAACTTAATTTAATGTTAACTCT	2760
D	b	3242	ACCAAACTGAACAAACAAAGTGTCTAATGTGAATACAGCAACTTAATTTAATGTTAACTCT	3301
O	y	2761	AGTGATGAAGATGCGCTTGTGTTAAGCCAAAGACATGCGCAAAATGTAAACACCCCTAGCC	2820
D	b	3302	AGTGATGAAGATGCGCTTGTGTTAAGCCAAAGACATGCGCAAAATGTAAACACCCCTAGCC	3361
O	y	2821	AAGGAATTTACACACACCAAGGCAAGGCAAGACACGCGCTTACCAAACTTTACCGTTAAA	2880
D	b	3362	AAGGAATTTACACACACCAAGGCAAGGCAAGACACGCGCTTACCAAACTTTACCGTTAAA	3421
O	y	2881	AAGGTGATGAAATTAATATATATGTGATGACGCCAAGCCATCAACGGTGGTCAAAAAGAC	2940
D	b	3422	AAGGTGATGAAATTAATATATGTGATGACGCCAAGCCATCAACGGTGGTCAAAAAGAC	3481
O	y	2941	GCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACAACATCAAAAGTGAANAAGCGTCTTAATTTAAACC	3000
D	b	3482	GCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACAACATCAAAAGTGAANAAGCGTCTTAATTTAAACC	3541
O	y	3001	GACAAAAATGTATCGGTTACTTTGGCATTTAACACCAAGCGGTCTTTAAAGCCGGCAAA	3060
D	b	3542	GACAAAAATGTATCGGTTACTTTGGCATTTAACACCAAGCGGTCTTTAAAGCCGGCAAA	3601

4141 GGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCAATC 4200
 4682 GGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCAATC 4741
 4201 TATGACAGTACCGGATPACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCACAGTTGATTAACCC 4260
 4742 TATGACAGTACCGGATPACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCACAGTTGATTAACCC 4801
 4261 AAGAGAGTTGGCCAAAGCAAGCAACTAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCAATC 4320
 4802 AAGAGAGTTGGCCAAAGCAAGCAACTAGCAGCGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCAATC 4861
 4321 CAATGAAATGCAATCACTATTAACAAGAAAGAAATGATGATGCAATGATGCAATGATGCAAT 4380
 4862 CAATGAAATGCAATCACTATTAACAAGAAAGAAATGATGATGCAATGATGCAATGATGCAAT 4921
 4381 GGCATCAATGAAGACAGCGCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCGCTTCTGATTAACAA 4440
 4922 GGCATCAATGAAGACAGCGCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCGCTTCTGATTAACAA 4981
 4441 ACCAAAGCGCGGAGTACTGTTGGTGAATTAATGGCGTTGCCAAACCGCGTGAAC 4500
 4982 ACCAAAGCGCGGAGTACTGTTGGTGAATTAATGGCGTTGCCAAACCGCGTGAAC 5041
 4501 TTTGCAAGGGGATACAGGCAACAGCGTAAAGAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAGGT 4560
 5042 TTTGCAAGGGGATACAGGCAACAGCGTAAAGAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAGGT 5101
 4561 GGGCAACAGACACCAATTAAGTAAACGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGAT 4620
 5102 GGGCAACAGACACCAATTAAGTAAACGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGAT 5161
 4621 GGCCTCAGTCAATGCAAGCTTGGCAAGCAAGCAATCTTAACAGGCTTAATGAGGTGAC 4680
 5162 GGCCTCAGTCAATGCAAGCTTGGCAAGCAAGCAATCTTAACAGGCTTAATGAGGTGAC 5221
 4681 ACCAAATTTGATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAC 4740
 5222 ACCAAATTTGATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAC 5281
 4741 ACCCTGTGCTAATGTCATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 4800
 5282 ACCCTGTGCTAATGTCATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 5341
 4801 AAGGACACAAAGATACAGGCGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 4860
 5342 AAGGACACAAAGATACAGGCGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 5401
 4861 TTGGGCTTTGTTAATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 4920
 5402 TTGGGCTTTGTTAATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 5461
 4921 ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCTTAACCCGCTGCTCAAAAGCAGGACG 4980
 5462 ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCTTAACCCGCTGCTCAAAAGCAGGACG 5521
 4981 GACTTTGGGGTAAAGGATTAACGATACGGAAGAACTTGGCCAGCTGGTGTATACAGAG 5040
 5522 GACTTTGGGGTAAAGGATTAACGATACGGAAGAACTTGGCCAGCTGGTGTATACAGAG 5581
 5041 GGCATGATTAAGAGCGCAAGCTTAACGCGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA 5100
 5582 GGCATGATTAAGAGCGCAAGCTTAACGCGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA 5641
 5101 AAGATGCGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCTGCTTATTAACGCGCAGGTGACCAACTAT 5160
 5642 AAGATGCGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCTGCTTATTAACGCGCAGGTGACCAACTAT 5701
 5161 TTGACCAACAACCCCGCAGCAAGCAATGACAGATTAAGCAATGATGATGATGATGATGATGAT 5220
 5702 TTGACCAACAACCCCGCAGCAAGCAATGACAGATTAAGCAATGATGATGATGATGATGATGAT 5761
 5221 CATGTCAACGATGGAATCAAGAGCCTGTGTGTACAAAGGCGTAAAGGCGATGACTCAAGT 5280

5762 CATGTCAAGGATGCGCATCAAGAGCCTGTGTGTACAAAGGCGGTACGCGATTTGACTAAT 5821
 5281 GCGTCAAGCAAGCACTCACTGCGGATAGTTTCCAGGCCAAGGCGAGATGATGAAGCGCC 5340
 5822 GCGTCAAGCAAGCACTCACTGCGGATAGTTTCCAGGCCAAGGCGAGATGATGAAGCGCC 5881
 5341 GTTGGCATAGGCAACAACCCCAAGGCAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5400
 5882 GTTGGCATAGGCAACAACCCCAAGGCAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5941
 5401 CAAGCCAGGCGGATCAATCACTGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5460
 5942 CAAGCCAGGCGGATCAATCACTGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6001
 5461 TCTGGTCCATGCGGCGGCAAGCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 5520
 6002 TCTGGTCCATGCGGCGGCAAGCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 6061
 5521 AACCAACGATTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 5580
 6062 AACCAACGATTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 6121
 5581 GTGACCGAAAGTAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 5640
 6122 GTGACCGAAAGTAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6181
 5641 GCAGGCAACAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5700
 6182 GCAGGCAACAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 6241
 5701 ACCGCTAGGCTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 5760
 6242 ACCGCTAGGCTTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTAAGGCTGATTA 6301
 5761 TCAGGTGCTGAACGCGCTATCCAAATTTGTGCGAGCAGTGAAGTCAAGTCCAGCAGCAGC 5820
 6302 TCAGGTGCTGAACGCGCTATCCAAATTTGTGCGAGCAGTGAAGTCAAGTCCAGCAGCAGC 6361
 5821 GATGCGGTAATGTAAGCAAGTGTGTAACCAAGCCCAAGCAAGTGTGTAACCAAGCCCAAGCA 5880
 6362 GATGCGGTAATGTAAGCAAGTGTGTAACCAAGCCCAAGCAAGTGTGTAACCAAGCCCAAGCA 6421
 5881 GAGCTTGACATGCTGATCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCA 5940
 6422 GAGCTTGACATGCTGATCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCA 6481
 5941 ATGGCGATGGCGTCAATGCGCACAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGCT 6000
 6482 ATGGCGATGGCGTCAATGCGCACAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGCT 6541
 6001 ATGGCCACCCCAAGCGGTAAGGCTGCGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGG 6060
 6542 ATGGCCACCCCAAGCGGTAAGGCTGCGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGG 6601
 6061 GGTCAATGGGTAATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6120
 6602 GGTCAATGGGTAATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6161
 6121 GTTGGTGCAGGTTTTCACCTTT 6141
 6662 GTTGGTGCAGGTTTTCACCTTT 6682

RESULT 3
 AR040716
 LOCUS AR040716 6973 bp DNA linear PAT 29-SEP-1999
 DEFINITION Sequence 1 from patent US 5808024.
 ACCESSION AR040716
 VERSION AR040716.1 GI:5960079
 KEYWORDS
 SOURCE Unknown.
 ORGANISM Unknown.

Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6973)
AUTHORS Sasaki,K., Harkness,R.E., Loosmore,S.M. and Klein,M.H.
TITLE Nucleic acids encoding high molecular weight major outer membrane
JOURNAL Protein of moraxella
Patent: US 5808024-A 1 15-SEP-1998;
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..6973
BASE COUNT 2265 a 1555 c 1533 g 1620 t
ORIGIN
Query Match 99.8%; Score 6130; DB 6; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1:
OY 1 ATGATTCATCTATTAAGTCTTTAAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGCGA 60
Db 542 ATGAATCAATCTATTAAGTCTTTAAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGCGA 601
OY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGC- GGGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTGGCAG 119
Db 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTGGCAG 661
OY 120 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCCCGATTTGGCCGCTCGCTGTCTGTATGCGTGCAC 179
Db 662 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCCCGATTTGGCCGCTCGCTGTCTGTATGCGTGCAC 721
OY 180 GCTCAGTGGAGTGTCTTATGCTCAAAAAGATACCAAACTATCGCAATTTGGTGAACA 239
Db 722 GCTCAGTGGAGTGTCTTATGCTCAAAAAGATACCAAACTATCGCAATTTGGTGAACA 781
OY 240 AAACAGCCAGACAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGAGCGGTGATCGAGCCATTTGATTGG 299
Db 782 AAACAGCCAGACAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGAGCGGTGATCGAGCCATTTGATTGG 841
OY 300 TGAATAATCTAAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTAAATAAATCTGT 359
Db 842 TGAATAATCTAAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTAAATAAATCTGT 901
OY 360 CAATGGAAGAGTTTGGATAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCGCATCGCCAT 419
Db 902 CAATGGAAGAGTTTGGATAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCGCATCGCCAT 961
OY 420 CGGTGTGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTGTGATGACTTACA 479
Db 962 CGGTGTGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTGTGATGACTTACA 1021
OY 480 TTTGCTTGATAGCATGTGTAATCCTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAAGATCTTAT 539
Db 1022 TTTGCTTGATAGCATGTGTAATCCTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAAGATCTTAT 1081
OY 540 TAAAGGCCATCAGTATTAAGAAATACGAAGCTCAAGAGTAAATGATGTAATAATATAG 599
Db 1082 TAAAGGCCATCAGTATTAAGAAATACGAAGCTCAAGAGTAAATGATGTAATAATATAG 1141
OY 600 ACGCACAACCGCAAGCGGACACGCCAGTACTGCAAGTGGAGCCATGTCATATGACAGAG 659
Db 1142 ACGCACAACCGCAAGCGGACACGCCAGTACTGCAAGTGGAGCCATGTCATATGACAGAG 1201
OY 660 TCAATTTTTCGAAGCGCTTTGTGTACACGGGCAACAGCTAAAAGTCCCTAATTCCTGGCGCT 719
Db 1202 TCAATTTTTCGAAGCGCTTTGTGTACACGGGCAACAGCTAAAAGTCCCTAATTCCTGGCGCT 1261
OY 720 GGGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCCAATCTACAAATCGCTATTGGTTCTGATGCAATC 779
Db 1262 GGGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCCAATCTACAAATCGCTATTGGTTCTGATGCAATC 1321
OY 780 TAGTCTGTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGTAGTACTGCTCAGCTACAGGCGCAGTAT 839
Db 1322 TAGTCTGTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGTAGTACTGCTCAGCTACAGGCGCAGTAT 1381
OY 840 TGCCCTTAGGTCAAGGTTCTGTGTACCTACAGATGATTAATTTCTAGACGGCGCTATAC 899

Db 1382 TGCCCTTAGGTCAAGGTTCTGTGTACCTACAGATGATTAATTTCTAGACGGCGCTATAC 1441
OY 900 ACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATAGMAAGCGGTC 959
Db 1442 ACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATAGMAAGCGGTC 1501
OY 960 ACTTCCATTTGTAGTAACTCTATCAACAGTAATCAATGTGCGTGGTGTAA 1019
Db 1502 ACTTCCATTTGTAGTAACTCTATCAACAGTAATCAATGTGCGTGGTGTAA 1561
OY 1020 TAAACCCGATCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAACCGGTGGTGAAGTGGCTAAGAGCG 1079
Db 1562 TAAACCCGATCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAACCGGTGGTGAAGTGGCTAAGAGCG 1621
OY 1080 TAGAATTTACTTTTCAGGGGTGATGATTAACAGTACTGAGTAAATAATAGTTTGATATAC 1139
Db 1622 TAGAATTTACTTTTCAGGGGTGATGATTAACAGTACTGAGTAAATAATAGTTTGATATAC 1681
OY 1140 TTTAACTATTAAGGTGGGAGAGACCAAGCATTAACGATATATATTCGGTGGT 1199
Db 1682 TTTAACTATTAAGGTGGTGGAGAGACCAAGCATTAACGATATATATTCGGTGGT 1741
OY 1200 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTGCTGAAGTTAACTTGTAAACTTTAAACAATCTTAC 1259
Db 1742 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTGCTGAAGTTAACTTGTAAACTTTAAACAATCTTAC 1801
OY 1260 TGAGTGAATACACTACATTAATGCGACACACAGCTTAAGGTAGTACTAGTAG 1319
Db 1802 TGAGTGAATACACTACATTAATGCGACACACAGCTTAAGGTAGTACTAGTAG 1861
OY 1320 TACTACAGCTGAATATAGATAGTATGTTAACTTTACCCAGCCCATACAGGAGCA 1379
Db 1862 TACTACAGCTGAATATAGATAGTATGTTAACTTTACCCAGCCCATACAGGAGCA 1921
OY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATAATGAGAAAC 1439
Db 1922 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATAATGAGAAAC 1981
OY 1440 AACGACAGCATCGGCATCTACTGCTATACAGAGATTAATGGCTTGGTCCAGATGG 1499
Db 1982 AACGACAGCATCGGCATCTACTGCTATACAGAGATTAATGGCTTGGTCCAGATGG 2041
OY 1500 TGATGTTGATGAAAAAACAGCACCATATTTGGATAAAAAACCTTAAGTGGGTAGTGT 1559
Db 2042 TGATGTTGATGAAAAAACAGCACCATATTTGGATAAAAAACCTTAAGTGGGTAGTGT 2101
OY 1560 TGCATTTACCATTAACATGTCATTTGATGAGTAAATAAAGATCAGTAATCTTGCCTAA 1619
Db 2102 TGCATTTACCATTAACATGTCATTTGATGAGTAAATAAAGATCAGTAATCTTGCCTAA 2161
OY 1620 AGGTAGCAGTCTAAGAGTGGGTGTACCATGAGACAGTCAACCGCGCAAGCCTACTTT 1679
Db 2162 AGGTAGCAGTCTAAGAGTGGGTGTACCATGAGACAGTCAACCGCGCAAGCCTACTTT 2221
OY 1680 AAACGAGCGCTGGCATCACTGTCACACCTACTGAATAATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
Db 2222 AAACGAGCGCTGGCATCACTGTCACACCTACTGAATAATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
OY 1740 CAATGTTACCGCCCAACTTAACAACATTTGGCGTAAACACGAGCTTAACAGTATGG 1799
Db 2282 CAATGTTACCGCCCAACTTAACAACATTTGGCGTAAACACGAGCTTAACAGTATGG 2341
OY 1800 CACTAGTGAATTAATTTGTGTTAAGGGTAGTGAAGCAACAATGCTAGTTACCGCGCA 1859
Db 2342 CACTAGTGAATTAATTTGTGTTAAGGGTAGTGAAGCAACAATGCTAGTTACCGCGCA 2401
OY 1860 ACATTTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATCGAAGCGCTGACAGTCTCTACAAACCTT 1919
Db 2402 ACATTTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATCGAAGCGCTGACAGTCTCTACAAACCTT 2461
OY 1920 TACCGTTAAAGAGAACAGATGATGACGCCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATACGAC 1979

Db	2462	TACGCTTAAGAGAAAGACATGATGACGCCCAACGCTATCCACCGTGGCTAAAGATACGAC	2521
Oy	1980	AAAAATGCGGGGCGCACTGACATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAGGCTTAAACGGTTGC	2039
Db	2532	AAAAATGCGGGGCGCACTGACATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAGGCTTAAACGGTTGC	2581
Oy	2040	TACCAAAAAAGATGATGCGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGTACCGGTCTGACCATTTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGATGCGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGTACCGGTCTGACCATTTGG	2641
Oy	2100	CAAAAGCACCCTTAACAACATGGCTTGACTGTTAAAGTACCACAGAAACAAATCCAAAGT	2159
Db	2642	CAAAAGCACCCTTAACAACATGGCTTGACTGTTAAAGTACCACAGAAACAAATCCAAAGT	2701
Oy	2160	CGGTCTAATGGCATTTAAATTTACTATGATGATGGTAGTAAATCCAGGTACTGCGCATTCG	2219
Db	2702	CGGTCTAATGGCATTTAAATTTACTATGATGATGGTAGTAAATCCAGGTACTGCGCATTCG	2761
Oy	2220	AAATTCGCGCTGCGATTACCGAAGATATAATTTGGCTTTGCTGGTTGATGGTGCAGTTGA	2279
Db	2762	AAATTCGCGCTGCGATTACCGAAGATATAATTTGGCTTTGCTGGTTGATGGTGCAGTTGA	2821
Oy	2280	TACAAACAACCCATTATTGTATATCAACAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAACCCATTATTGTATATCAACAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCA	2881
Oy	2340	CACGTGCATTAAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAAGAGGCTGTCCCAACACTGCGTAGCAT	2399
Db	2882	CACGTGCATTAAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAAGAGGCTGTCCCAACACTGCGTAGCAT	2941
Oy	2400	TGCGGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAAAGACAAATC	2459
Db	2942	TGCGGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAAAGACAAATC	3001
Oy	2460	CAAGCGCCGACGATTAAATGATATATTAATACAGGCTTAACTCTAAATAAATAATACAA	2519
Db	3002	CAAGCGCCGACGATTAAATGATATATTAATACAGGCTTAACTCTAAATAAATAATACAA	3061
Oy	2520	CCCCATTGACCTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACCTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	2579
Db	3062	CCCCATTGACCTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACCTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	3121
Oy	2580	CGCCACAGTAAACCCATGATACGCGCTAACAAACACAGTAAAGTGATATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAAACCCATGATACGCGCTAACAAACACAGTAAAGTGATATGATGTGAATGT	3181
Oy	2640	GGATGATACCAACATTCATCTATACAGGCACTGTATGACATTAATAAACTTGGCTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACCAACATTCATCTATACAGGCACTGTATGACATTAATAAACTTGGCTCAAAAC	3241
Oy	2700	CACCAAACTCAACAAACAGTGTCTAATGTAATACAGAACCTAACCTTAAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTCAACAAACAGTGTCTAATGTAATACAGAACCTAACCTTAAATGTTAACTC	3301
Oy	2760	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAAGGCAAGACATGCGCGAAATCTTAAACACCTTAGC	2819
Db	3302	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAAGGCAAGACATGCGCGAAATCTTAAACACCTTAGC	3361
Oy	2820	CAAGGAATTCACACACCAAGCACAGCACACACGCGCTTACAAACCTTACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATTCACACACCAAGCACAGCACACACGCGCTTACAAACCTTACCGTTAA	3421
Oy	2880	AAAGGTGATGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCGCATCACCGTGGGTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTGATGAATAATTAATGCTGATGACGCAACGCGCATCACCGTGGGTCAAAAGAA	3481
Oy	2940	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGCTTAAATATTAAAC	2999
Db	3482	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGCTTAAATATTAAAC	3541
Oy	3000	CGCAAAAAATGATGCGGTTACTCTTTGGCATTTAACACCAACAGCGCTTTAAAGCGCGCA	3059
Db	3542	CGCAAAAAATGATGCGGTTACTCTTTGGCATTTAACACCAACAGCGCTTTAAAGCGCGCA	3601

QY	3060	AAGCACCTTAACGACGCGTGGCTTGCTATTTAAAAAACCACACTGGTAGCAACAAATCCA	3119
Db	3602	AAGCACCTTAACGACGCGTGGCTTGCTATTTAAAAAACCACACTGGTAGCAACAAATCCA	3661
QY	3120	AGTCGGTCTGTAATGGCGTGAAGTTGGCAAGGTAAATAAATGGTGTGAGTGGTGG	3179
Db	3662	AGTCGGTCTGTAATGGCGTGAAGTTGGCAAGGTAAATAAATGGTGTGAGTGGTGG	3721
QY	3180	CATTGATGGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGCACTAATGGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGCACTAATGGCTC	3781
QY	3240	ACTGATATAAAGCAAAACCCACCTTAGCAAAAGCGGCATTTAACGACAGTGGTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTGATATAAAGCAAAACCCACCTTAGCAAAAGCGGCATTTAACGACAGTGGTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTAAATCAGGTGAGTATGGCCAAAACACCCATGATGGCTGACAGGCGGCA	3359
Db	3842	TACCAACATTAAATCAGGTGAGTATGGCCAAAACACCCATGATGGCTGACAGGCGGCA	3901
QY	3360	GATTATGATTTAAAAACCGAATCTTGAAAAAATAATCAGACAGTACTGCCAAAACAGCACA	3419
Db	3902	GATTATGATTTAAAAACCGAATCTTGAAAAAATAATCAGACAGTACTGCCAAAACAGCACA	3961
QY	3420	AAACTCATTTACGCAATTTCTCAGTAGCAGATGACAAAGTAATTACTTTACGGTTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATTTACGCAATTTCTCAGTAGAGATGACAAAGTAATTACTTTACGGTTAGTAA	4021
QY	3480	CCCTTACTCCGATGTATGACACCTCAAAAGACCTCTGATGTATCACCCTTTGGCAGGTGAAA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCGATGTATGACACCTCAAAAGACCTCTGATGTATCACCCTTTGGCAGGTGAAA	4081
QY	3540	CGGCATTACACCAAGGTAATAAAGGTGTGTGCTGTGGGCATTGACCAAAACCAAAAG	3599
Db	4082	CGGCATTACACCAAGGTAATAAAGGTGTGTGCTGTGGGCATTGACCAAAACCAAAAG	4141
QY	3600	CTTAACCAACGCTTAAGCTGACCGTGGTAATTAATGCGAAAGGCATTGTCAATTGACAG	3658
Db	4142	CTTAACCAACGCTTAAGCTGACCGTGGTAATTAATGCGAAAGGCATTGTCAATTGACAG	4201
QY	3660	CCAAAATGTCCAAAATTCACATCAGAGACTACACCAACCTAGCTAAATGTACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAAATGTCTAAAATTCACATCAGAGACTACACCAACCTAGCTAAATGTACCAATGA	4261
QY	3720	TAAAGTGTAGCTAGCACAACAGACAGGCGCAATATATCAAAAGACGAACAAAACCG	3779
Db	4262	TAAAGTGTAGCTAGCACAACAGACAGGCGCAATATATCAAAAGACGAACAAAACCG	4321
QY	3780	TGCGCGCAGCACTTTGTATGTGCTTAAGCGCAGCCTTAACCTTGCAAGGCAATGTGTGAAG	3839
Db	4322	TGCGCGCAGCACTTTGTATGTGCTTAAGCGCAGCCTTAACCTTGCAAGGCAATGTGTGAAG	4381
QY	3840	GTTGATCACTTTCTCCACTTATGACACCGTCACACTTTGGCGANTGGCAATGCCACACCGC	3899
Db	4382	GTTGATCACTTTCTCCACTTATGACACCGTCACACTTTGGCGANTGGCAATGCCACACCGC	4441
QY	3900	TAAAGTGACCTATGATGACACAAGCAAAACCACTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGA	3959
Db	4442	TAAAGTGACCTATGATGACACAAGCAAAACCACTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGA	4501
QY	3960	TGATATCAACCACTTAAAGTTAAAGTAAAAAACTTGGCGTAAAAACACACACTTTACAG	4019
Db	4502	TGATATCAACCACTTAAAGTTAAAGTAAAAAACTTGGCGTAAAAACACACACTTTACAG	4561
QY	4020	TACTGGCAGCAGTGTCTAATAAATTTGGCCCTAACCAATCAAGCTACAGGCGATGCGCCTGT	4079
Db	4562	TACTGGCAGCAGTGTCTAATAAATTTGGCCCTAACCAATCAAGCTACAGGCGATGCGCCTGT	4621
QY	4080	CAAGGCAAGTATTCCTTGTCTATCTAAACACCTTATCTGGCGACATCAAACTGCCAA	4139
Db	4622	CAAGGCAAGTATTCCTTGTCTATCTAAACACCTTATCTGGCGACATCAAACTGCCAA	4681

4140 AGGGGCAAGCCAGGCAAGCACTACAGCAGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAT 4199
4682 AGGGGCAAGCCAGGCAAGCAACTACAGCAGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAT 4741
4200 CTATGACAGTACCGATACAGTACTATCAGCCAAAATATGATGGCAGCTTGAATAAC 4259
4742 CTATGACAGTACCGATACAGTACTATCAGCCAAAATATGATGGCAGCTTGAATAAC 4801
4260 CAAGAAGTTGGCAAGACAACTGGTGCCGACGACCCCAAGCCCAAGATGGCAATGGC 4319
4802 CAAGAAGTTGGCAAGACAACTGGTGCCGACGACCCCAAGCCCAAGATGGCAATGGC 4861
4320 TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTATTACAAAGACAGTAATGATGGCAATTAAGCA 4379
4862 TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTATTACAAAGACAGTAATGATGGCAATTAAGCA 4921
4380 AGGCATCAATGAAGCAACACCCCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATACAA 4439
4922 AGGCATCAATGAAGCAACACCCCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATACAA 4981
4440 AACCAAAAACGCCGAGTAACTGTGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAACACCGCTGAC 4499
4982 AACCAAAAACGCCGAGTAACTGTGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAACACCGCTGAC 5041
4500 CTTTTCAGGGGATACAGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGGCAGACTTTGACCATCAAG 4559
5042 CTTTTCAGGGGATACAGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGGCAGACTTTGACCATCAAG 5101
4560 TGGGCAACAGACACCATTAAGCTAAGCATTAACCATCGGTGGTGGTAAAGCAAGTACGA 4619
5102 TGGGCAACAGACACCATTAAGCTAAGCATTAACCATCGGTGGTGGTAAAGCAAGTACGA 5161
4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTAACCAATCTTAAACAGCTTAAATGACGTGG 4679
5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTAACCAATCTTAAACAGCTTAAATGACGTGG 5221
4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA 4739
5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA 5281
4740 CACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGCTGACCTGGGTGGGCAAGGTCATCAGTAATGTGG 4799
5282 CACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGCTGACCTGGGTGGGCAAGGTCATCAGTAATGTGG 5341
4800 CAAAGGCAAAAGATACGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAAGTACGCACTT 4859
5342 CAAAGGCAAAAGATACGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAAGTACGCACTT 5401
4860 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAAGCTGACGCGCAATCAGGTAAACATTTGCCGA 4919
5402 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAAGCTGACGCGCAATCAGGTAAACATTTGCCGA 5461
4920 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCATCTAACGCACTGTCAATCAAGCAGGCAC 4979
5462 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCATCTAACGCACTGTCAATCAAGCAGGCAC 5521
4980 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACATACCGAAAAAATTGCACTGGTGTATACAGT 5039
5522 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACATACCGAAAAAATTGCACTGGTGTATACAGT 5581
5040 GGGGCTGGGATTAAGAGGCGCAACGCTAACGCGATTTAAAGCAATTTTGGGCAAAACCCA 5099
5582 GGGGCTGGGATTAAGAGGCGCAACGCTAACGCGATTTAAAGCAATTTTGGGCAAAACCCA 5641
5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGAGTGCAGCACTA 5159
5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGAGTGCAGCACTA 5701
5160 TTTGACCAACAAACCCCGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTTCTT 5219
5702 TTTGACCAACAAACCCCGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTTCTT 5761
5220 CCAATGTCAAGATGGCAATCAAGAGCTGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGCAATTGACTCAAG 5279

5762 CCATGTCAACGATGGCAATCAAGACCTGTGTGTACAAAGGCGTAAAGCAGTACTCAAG 5821
5280 TGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTGTTCAGGCAAGGCAAGTGTGAAGCCG 5339
5822 TGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTGTTCAGGCAAGGCAAGTGTGAAGCCG 5881
5340 CGTTGCCATAGGCAACAAACCCAGCAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTGATTAACGC 5399
5882 CGTTGCCATAGGCAACAAACCCAGCAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTGATTAACGC 5941
5400 ACAAGCCAGGCGCATCATCATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCG 5459
5942 ACAAGCCAGGCGCATCATCATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCG 6001
5460 CTCTGGTCCATCGGCGAACCAGCAGTGTAAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAA 5519
6002 CTCTGGTCCATCGGCGAACCAGCAGTGTAAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAA 6061
5520 TTAACAACAGTTTACCGATGGCAGTCAAAACCGATGCTTTGTGGGCAATTAACATCAC 5579
6062 TTAACAACAGTTTACCGATGGCAGTCAAAACCGATGCTTTGTGGGCAATTAACATCAC 6121
5580 CGTGACCGAAAGTAACTGTGCTTGTGCTTAACTCTGCCATCAGTGCAGGCACACA 5639
6122 CGTGACCGAAAGTAACTGTGCTTGTGCTTAACTCTGCCATCAGTGCAGGCACACA 6181
5640 CGCAGGCAACAAAGCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTAAACACACAGCAGGTGC 5699
6182 CGCAGGCAACAAAGCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTAAACACACAGCAGGTGC 6241
5700 AACCGTACGGTTAAAGGCTTGTGCTGACAAACGCGGTTGTGGTGGTCCGTTGGGTCG 5759
6242 AACCGTACGGTTAAAGGCTTGTGCTGACAAACGCGGTTGTGGTGGTCCGTTGGGTCG 6301
5760 CTCAGGTGCTAAGCGGCTATTCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTGCACACAGC 5819
6302 CTCAGGTGCTAAGCGGCTATTCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTGCACACAGC 6361
5820 CGATGGCGGTCAATGGTGGCGGCTGTGTCAAAAGCCCAAGCAAGTTCGCAACGCAACCA 5879
6362 CGATGGCGGTCAATGGTGGCGGCTGTGTCAAAAGCCCAAGCAAGTTCGCAACGCAACCA 6421
5880 TGAAGCTGACCATGATATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATCAGAGATTTATCAGC 5939
6422 TGAAGCTGACCATGATATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATCAGAGATTTATCAGC 6481
5940 GATGGCGATGGCTGCTCATGCCAAGCCTTACATTTCTGGCAGATTCATGTTACCGGGG 5999
6482 GATGGCGATGGCTGCTCATGCCAAGCCTTACATTTCTGGCAGATTCATGTTACCGGGG 6541
6000 TATTGCCACCCCAAGGCTCAAGGTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTAA 6059
6542 TATTGCCACCCCAAGGCTCAAGGTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTGGGCTAA 6601
6060 TGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAAGCGATACCAAGGCGCATTAAGGGGCGGC 6119
6602 TGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAAGCGATACCAAGGCGCATTAAGGGGCGGC 6661
6120 AGTTGGTGCAGGTTTTCATTTT 6141
6662 AGTTGGTGCAGGTTTTCATTTT 6683

RESULT 4
AX079913
LOCUS AX079913 6973 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 1 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079913
VERSION AX079913.1 GI:13159436
KEYWORDS
SOURCE Moraxella catarrhalis.
ORGANISM Moraxella catarrhalis

QY	1920	TACCGTTAAAGAAAGAGACGATGATGAGCCCAACGCTATCACCGTGGCTAAAGATACGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAAAGAAAGAGATGATGACCCCAACGCTATCACCGTGGCTAAAGATACGAC	2521
QY	1980	AAAAAATGCCGGGGCGAGTCAGCATCTTAAACTCTAAAGGTAAAAAGGCTCTAACGGTTGC	2039
Db	2522	AAAAAATGCCGGGGCGAGTCAGCATCTTAAACTCTAAAGGTAAAAAGGCTCTAACGGTTGC	2581
QY	2040	TACCAAAAAAGATGATGAGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATACGGCTCTGACCAATTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGATGAGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATACGGCTCTGACCAATTGG	2641
QY	2100	CAAAAGACCCCTTAACAACAGATGGCTTGACTGTAAAGTACCAAGCAAGCAAACTCAAGT	2159
Db	2642	CAAAAGACCCCTTAACAACAGATGGCTTGACTGTAAAGTACCAAGCAAGCAAACTCAAGT	2701
QY	2160	CGGTGCTAAATGAGCATTTAAATTTACTAATATGAAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTCG	2219
Db	2702	CGGTGCTAAATGAGCATTTAAATTTACTAATATGAAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTCG	2761
QY	2220	AAATACCGCTCGCATTTACAGAGATAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGGTGCAGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTCGCATTTACAGAGATAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGGTGCAGTTGA	2821
QY	2280	TACAAACAACCTTTATCTTGATCAACAGCAAGGTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAA	2339
Db	2822	TACAAACAACCTTTATCTTGATCAACAGCAAGGTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAA	2881
QY	2340	CACGTGCGATTAACGCGAGGTGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCCAACATGCTCTAGAT	2399
Db	2882	CACGTGCGATTAACGCGAGGTGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCCAACATGCTCTAGAT	2941
QY	2400	TGCGGATCAAGTAGCGCGCAACATAGAACCTTGGGCAATACAACTCAAGCAAGCAAAATC	2459
Db	2942	TGCGGATCAAGTAGCGCGCAACATAGAACCTTGGGCAATACAACTCAAGCAAGCAAAATC	3001
QY	2460	CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTTAAATACAGGCTTTAACTTAAAAATATATACAA	2519
Db	3002	CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTTAAATACAGGCTTTAACTTAAAAATATATACAA	3061
QY	2520	CCCCATGACCTTTGTCTCCCACTATGACAAATGTGTGACTTTGGCANTGGCAATGCGCACAC	2579
Db	3062	CCCCATGACCTTTGTCTCCCACTATGACAAATGTGTGACTTTGGCANTGGCAATGCGCACAC	3121
QY	2580	CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAAACAAACACAGTAAGTGGTATATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAAACAAACACAGTAAGTGGTATATGATGTGAATGT	3181
QY	2640	GGATGATACAAACCTTCTATCTTAACAGGCACTGATGATCAATAAAAAATTGGCGTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACAAACCTTCTATCTTAACAGGCACTGATGATCAATAAAAAATTGGCGTCAAAAC	3241
QY	2700	CACCAAACTGCAAAACAGAGCTCTAATGGTAATACGCAACATTACTTTAATGTTAATCTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGCAAAACAGAGCTCTAATGGTAATACGCAACATTACTTTAATGTTAATCTC	3301
QY	2760	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAGACATGCGCGAAATCTTAACACCTTACG	2819
Db	3302	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAGACATGCGCGAAATCTTAACACCTTACG	3361
QY	2820	CAAGGAATTTACACGCAACCAAGGCAACAGACACCGGCTTACAAACCTTTACGCTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATTTACACGCAACCAAGGCAACAGACACCGGCTTACAAACCTTTACGCTTAA	3421
QY	2880	AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGTAGTACGCGCAACGCGCATACCGTGGGTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGTAGTACGCGCAACGCGCATACCGTGGGTCAAAAGAA	3481
QY	2940	CGCAAAATTAATCAATCAACACCCCTAACACCTCAAAAGGTGAAAAGGCTTAATATTAACAA	2999
Db	3482	CGCAAAATTAATCAATCAACACCCCTAACACCTCAAAAGGTGAAAAGGCTTAATATTAACAA	3541

QY	3000	CGAATAAATGATGACGGTATACCTTTGGCATTTAAACCAACGAAGCGGTCTTAAAGCCGGCAA	3055
Db	3542	CGACAAAAAAGGATGCGGTATACCTTTGGCATTTAAACCAACGAAGCGGTCTTAAAGCCGGCAA	3601
QY	3060	AAGCACCCCTAAACGACAGGAGGCGTTCGTCTTTAAAAAACCCACCTGGTAGCGAACAATATCA	3119
Db	3662	AAGCACCCCTAAACGACAGGAGGCGTTCGTCTTTAAAAAACCCACCTGGTAGCGAACAATATCA	3661
QY	3120	AGTCGGTCTGATGGCGTGAAGTTTCCCAAGTTATATATATGCTGTGTAGTGGCTGG	3179
Db	3662	AGTCGGTCTGATGGCGTGAAGTTTCCCAAGTTATATATATGCTGTGTAGTGGCTGG	3721
QY	3180	CATTGATGGCAACAACCTGCACTTACGAGATGATAAATTTGGCTTTACTGGGATTAATGGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCAACAACCTGCACTTACGAGATGATAAATTTGGCTTTACTGGGATTAATGGCTC	3781
QY	3240	ACTTGATAAAAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTTAAGCAGGAGGTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATAAAAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTTAAGCAGGAGGTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTTCATCAGGAGTAGATTTCCCAAAACGACATGATGCTGTGAACAGCGGCA	3359
Db	3842	TACCAACATTTCATCAGGAGTAGATTTCCCAAAACGACATGATGCTGTGAACAGCGGCA	3901
QY	3360	GATTATGATTTAAAAACCCAACTTAAAAAACAATTCACAGCACTACTGCGCAAAACAGACA	3419
Db	3902	GATTATGATTTAAAAACCCAACTTAAAAAACAATTCACAGCACTACTGCGCAAAACAGACA	3961
QY	3420	AAACTCATTTACAGCAATTTCTCACTACCAATGTAACAAAGTATTAACCTTACGGTTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATTTACAGCAATTTCTCACTACCAATGTAACAAAGTATTAACCTTACGGTTAGTAA	4021
QY	3480	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGTATGTCATCACCTTTGCAAGGTGAAA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGTATGTCATCACCTTTGCAAGGTGAAA	4081
QY	3540	CGGCATTTACCAACAGSTAAATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTGACCAAAACCAAGG	3599
Db	4082	CGGCATTTACCAACAGSTAAATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTGACCAAAACCAAGG	4141
QY	3600	CTTTAACACGCGCTAAGGTGAACGCGGGGTAAATATATGSCAAAGGCACTTGTCATTGACAG	3659
Db	4142	CTTTAACACGCGCTAAGGTGAACGCGGGGTAAATATATATGSCAAAGGCACTTGTCATTGACAG	4201
QY	3660	CCAAATATGTCAAAATATCCATTCACAGGACTTAAGCAACACTTAGTAAATGTTACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAATATGTCAAAATATCCATTCACAGGACTTAAGCAACACTTAGTAAATGTTACCAATGA	4261
QY	3720	TAAAGTAGCGCTACGCAACCAAGCAAGGCAATATATCAAAAGGAGGAAGCAAAACCCG	3779
Db	4262	TAAAGTAGCGCTACGCAACCAAGCAAGGCAATATATCAAAAGGAGGAAGCAAAACCCG	4321
QY	3780	TGCGCCGACGATTTGTTATGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGC	3839
Db	4322	TGCGCCGACGATTTGTTATGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGC	4381
QY	3840	GGTTCACCTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACCTTGGCGCATGGCCATGCCACACCGC	3899
Db	4382	GGTTCACCTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACCTTGGCGCATGGCCATGCCACACCGC	4441
QY	3900	TAAAGTAGCATATGATACACAAGCAAAACCACTAAGTAGCTCTATGATGTCATATGTGGA	3959
Db	4442	TAAAGTAGCATATGATACACAAGCAAAACCACTAAGTAGCTCTATGATGTCATATGTGGA	4501
QY	3960	TGATATCAACCATTTAGATTAAGTATAAAAAACTTGGCTTAAAAACACCACTTGACAG	4019
Db	4502	TGATATCAACCATTTAGATTAAGTATAAAAAACTTGGCTTAAAAACACCACTTGACAG	4561
QY	4020	TACTGGCAACAGGTCTATATAATTTGGCCATACCAATTCAGAGTACTGGGGATGCGCTTGT	4079
Db	4562	TACTGGCAACAGGTCTATATAATTTGGCCATACCAATTCAGAGTACTGGGGATGCGCTTGT	4621
QY	4080	CAGGCGCAGTATTCGTGTCTATCTAAACACCTTATCTGGCGACATCCAAATCTGCCA	4139

|||||
Db 4622 CAGGCGAGTGTATGCTGTGCTCATCTAAACCTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAA 4681
OY 4140 AGGGGCAAGCCCAAGGCAACACTGACGAGGCTATGCTGATGATGGAATTAAGTCTAT 4199
Db 4662 AGGGGCAAGCCCAAGGCAACACTGACGAGGCTATGCTGATGATGGAATTAAGTCTAT 4741
OY 4200 CTATGACAGTACCGATTAACAGTAAGTATCAAGCCAAATAATGATGGCAGTTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACAGTACCGATTAACAGTAAGTATCAAGCCAAATAATGATGGCAGTTGATTAAC 4801
OY 4260 CAAGAAGTGTCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGSCACATTTGGC 4319
Db 4802 CAAAGAAGTGTCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGSCACATTTGGC 4861
OY 4320 TCAANTGAATGTCAATGCTGATTAACAAAGAAGCAAGTAATGATGCCAATTAAGAGA 4379
Db 4862 TCAANTGAATGTCAATGCTGATTAACAAAGAAGCAAGTAATGATGCCAATTAAGAGA 4921
OY 4380 AGGCATCAATGAAGACAACGCCCTTTGTTAAAGACTTGAATAAGCCGCTTCTGATTAACA 4439
Db 4922 AGGCATCAATGAAGACAACGCCCTTTGTTAAAGACTTGAATAAGCCGCTTCTGATTAACA 4981
OY 4440 AACCAAAAACGCCGAGTAAGTGTGGTGAATTTAAATGCGCTTGGCCAAAACACCCGCTGAC 4499
Db 4982 AACCAAAAACGCCGAGTAAGTGTGGTGAATTTAAATGCGCTTGGCCAAAACACCCGCTGAC 5041
OY 4500 CTTTCAGAGGGGTATACAGGACACAGGCTTAATAAACTGGGCGAGACTTTTACCATCAAGAG 4559
Db 5042 CTTTCAGAGGGGTATACAGGACACAGGCTTAATAAACTGGGCGAGACTTTTACCATCAAGAG 5101
OY 4560 TGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAATTAACATCGGCTGTGTGAGCAGGTACTGA 4619
Db 5102 TGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAATTAACATCGGCTGTGTGAGCAGGTACTGA 5161
OY 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACCTTAACAACTTTAAACAGCTTAAATGCAAGTGG 4679
Db 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACCTTAACAACTTTAAACAGCTTAAATGCAAGTGG 5221
OY 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGGTGCTTTGTAGACTTAACGCGGCAAGCCAAAGCAAA 4739
Db 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGGTGCTTTGTAGACTTAACGCGGCAAGCCAAAGCAAA 5281
OY 4740 CACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCATGATATGTGGG 4799
Db 5282 CACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCATGATATGTGGG 5341
OY 4800 CAAAGGCAACAAAGTACCAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTT 4859
Db 5342 CAAAGGCAACAAAGTACCAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTT 5401
OY 4860 GTTGGGTCTGTGTAATGGTGTATGATTAAGCTGACGGCAATCCAGTAAACATTTGCCGA 4919
Db 5402 GTTGGGTCTGTGTAATGGTGTATGATTAAGCTGACGGCAATCCAGTAAACATTTGCCGA 5461
OY 4920 CATCAAAAAAGAACCCAAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCACTGTATCAAAAGAGGAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAAGAACCCAAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCACTGTATCAAAAGAGGAC 5521
OY 4980 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGAAAAACTTGGCACTGTGTGATACAACT 5039
Db 5522 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGAAAAACTTGGCACTGTGTGATACAACT 5581
OY 5040 GGGCGGTGATTAAGAGCGGCAACGCTAACGGGATTAAGCAATGTTGGGTAAACCA 5099
Db 5582 GGGCGGTGATTAAGAGCGGCAACGCTAACGGGATTAAGCAATGTTGGGTAAACCA 5641
OY 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCGCAGGTACAGCACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCGCAGGTACAGCACTA 5701
OY 5160 TTTGACCAACAACCCCGCAGAGCAATGACGAATTAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5219
|||||

Db 5702 TTTGACCAACAACCCCGCAGAAAGCCATGTACAGAAATTAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5761
OY 5220 CCATGTCAACGATNGGAATCAAGAGCTGTGTGACAAAGGCGCTTAAGCGATTAACCTCAAG 5279
Db 5762 CCATGTCAACGATNGGAATCAAGAGCTGTGTGACAAAGGCGCTTAAGCGATTAACCTCAAG 5821
OY 5280 TGGCTTACGAGCAAGCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGAGTGTGAACCCG 5339
Db 5822 TGGCTTACGAGCAAGCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGAGTGTGAACCCG 5881
OY 5340 CGTTGCCATAGGCAGACAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCATCGGTGATTAAGCC 5399
Db 5882 CGTTGCCATAGGCAGACAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCATCGGTGATTAAGCC 5941
OY 5400 ACAAGGCAAGGCGGATCAATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCAT 5459
Db 5942 ACAAGGCAAGGCGGATCAATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCAT 6001
OY 5460 CTCTGGTGCATCGCGGAGCCCAAGCACTGTAAAGCTGATTAACAGTATACAGTGTGGTTAA 5519
Db 6002 CTCTGGTGCATCGCGGAGCCCAAGCACTGTAAAGCTGATTAACAGTATACAGTGTGGTTAA 6061
OY 5520 TAAACAACAGTTTACCGATGCACTGAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TAAACAACAGTTTACCGATGCACTGAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 6121
OY 5580 CGTGACCGAAAGTAAGTCTGGTGTGCTTAACTGTGCTATAGTGCAGGCAACA 5639
Db 6122 CGTGACCGAAAGTAAGTCTGGTGTGCTTAACTGTGCTATAGTGCAGGCAACA 6181
OY 5640 CGCAGGCAACAAGCCAAATAATCTGACGGCAAGAGGTATCAACACCAACAGCAGAGTGC 5699
Db 6182 CGCAGGCAACAAGCCAAATAATCTGACGGCAAGAGGTATCAACACCAACAGCAGAGTGC 6241
OY 5700 AACCGGTACGTTTAAAGGCTTGTCTGACAAACGCGGTTGGTCCGTCCGTGGGTGC 5759
Db 6242 AACCGGTACGTTTAAAGGCTTGTCTGACAAACGCGGTTGGTCCGTCCGTGGGTGC 6301
OY 5760 CTCAGGTGCTGAAGCGCGATATCCAAATGTTGGCAGAGGTGAGGTGAGTGCACACGACAC 5819
Db 6302 CTCAGGTGCTGAAGCGCGATATCCAAATGTTGGCAGAGGTGAGGTGAGTGCACACGACAC 6361
OY 5820 CGATGGCGTCAATGTGTAGCCAGTGTGTAACAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACAA 5879
Db 6362 CGATGGCGTCAATGTGTAGCCAGTGTGTAACAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACAA 6421
OY 5880 TGAAGCTTGACATCGTATCCACCAAGCAAAATTAAGCCATGACGAGATTTCAATCAC 5939
Db 6422 TGAAGCTTGACATCGTATCCACCAAGCAAAATTAAGCCATGACGAGATTTCAATCAC 6481
OY 5940 GATGGCGATGGGCTCATGCGCAAGCCCAANTCCTGCGCAGATCCATGTTAACCGGGGG 5999
Db 6482 GATGGCGATGGGCTCATGCGCAAGCCCAANTCCTGCGCAGATCCATGTTAACCGGGGG 6541
OY 6000 TATTTGCCACCAACAAGGCTGCAAGGTGCGGTGGCAGTGGAGTGTCCAAAGCTGTGGATTA 6059
Db 6542 TATTTGCCACCAACAAGGCTGCAAGGTGCGGTGGCAGTGGAGTGTCCAAAGCTGTGGATTA 6601
OY 6060 TGGTCAATGGGTAATTAATCAATGTTTACGCGATTAACCAAGCCATGATAGGGGCGC 6119
Db 6602 TGGTCAATGGGTAATTAATCAATGTTTACGCGATTAACCAAGCCATGATAGGGGCGC 6661
OY 6120 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6141
Db 6662 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6683
|||||

RESULT 5
AR181131
LOCUS AR181131 6975 bp DNA linear PAT 20-Apr-2002
DEFINITION Sequence 1 from patent US 6335018.
ACCESSION AR181131
VERSION AR181131.1 GI:20223345

KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6975)
AUTHORS Sasaki,K., Harkness,R.E. and Klein,M.H.
TITLE High molecular weight major outer membrane protein of moraxella
JOURNLS Patent: US 635018-A 1 01-JAN-2002;
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..6975
/organism="unknown"
BASE COUNT 2266 a 1556 c 1533 g 1620 t
ORIGIN
Query Match 99.68; Score 6119; DB 6; Length 6975;
Best Local Similarity 100.00; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 2; Gaps 2;
QY 1 ATGAATCAGATCTTAAGTATCTTTAAACAAGCCAGGACATTTATGCGAGTGGCA 60
DB 542 ATGAATCAGATCTTAAGTATCTTTAAACAAGCCAGGACATTTATGCGAGTGGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGC-66GGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661
QY 120 TGTATGCACTGAGCTTTGGCCGATTTGCGCGCTGCTGTCTGATGCGGAGCAAC 179
DB 662 TGTATGCACTGAGCTTTGGCCGATTTGCGCGCTGCTGTCTGATGCGGAGCAAC 721
QY 180 GCTAGTGGCAGTGTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGTGACA 239
DB 722 GCTAGTGGCAGTGTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGTGACA 781
QY 240 AAACGAGCAGAGCGCTACAGCAGCTGCCAAGCGGAGCGGTATCGACCATTTGCTATTGG 299
DB 782 AAACGAGCAGAGCGCTACAGCAGCTGCCAAGCGGAGCGGTATCGACCATTTGCTATTGG 841
QY 300 TGAATATCTAAGCAGCAGGCGGTCAAGCCATCGCATCGGTAGTACTAATAAAGTGT 359
DB 842 TGAATATCTAAGCAGCAGGCGGTCAAGCCATCGCATCGGTAGTACTAATAAAGTGT 901
QY 360 CAATGGAAGCAGTTTGAATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCAT 419
DB 902 CAATGGAAGCAGTTTGAATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCAT 961
QY 420 CGGTGATATGAAGGCTAGTGTGATGCCGATTCGATCGGATAGTATGATGATCA 479
DB 962 CGGTGATATGAAGGCTAGTGTGATGCCGATTCGATCGGATAGTATGATGATCA 1021
QY 480 TTTGCTTATCAGATGTGTAATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAAGATCTTAT 539
DB 1022 TTTGCTTATCAGATGTGTAATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAAGATCTTAT 1081
QY 540 TAAAGCGCATGAGTATTAAGAAATACGAAGTCAAGAGTAAATGATGTAATATAG 599
DB 1082 TAAAGCGCATGAGTATTAAGAAATACGAAGTCAAGAGTAAATGATGTAATATAG 1141
QY 600 ACGCAACACCGCAAGCGGACACAGCTAGTACAGTGGAGGACATGATATGACACAGGG 659
DB 1142 ACGCAACACCGCAAGCGGACACAGCTAGTACAGTGGAGGACATGATATGACACAGGG 1201
QY 660 TCATTTTTCGAACGCTTTGTTACACGGGCAACAGCTAAAGTGTCTTCTTGGCAAT 719
DB 1202 TCATTTTTCGAACGCTTTGTTACACGGGCAACAGCTAAAGTGTCTTCTTGGCAAT 1261
QY 720 GGGTCTTCCGCGCACAGCGAGGGCAATCTAACAATCGTATTTGTTCTGATGACAATC 779
DB 1262 GGGTCTTCCGCGCACAGCGAGGGCAATCTAACAATCGTATTTGTTCTGATGACAATC 1321
QY 780 TAGCTGTTGGAGAGATAGCCCTTGTGTGAGTACTGTGCTACGCTACAGGCAAGTAT 839
DB 1322 TAGCTGTTGGAGAGATAGCCCTTGTGTGAGTACTGTGCTACGCTACAGGCAAGTAT 1381

QY 840 TGCCCTAGGTCAAGGTCTGTGTCACCTCAGAGTATATATTTCTAGACCGGCTATATC 899
DB 1382 TGCCCTAGGTCAAGGTCTGTGTCACCTCAGAGTATATATTTCTAGACCGGCTATATC 1441
QY 900 ACCAATATCCAGGACATAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACGAAGCGGGTCC 959
DB 1442 ACCAATATCCAGGACATAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACGAAGCGGGTCC 1501
QY 960 ACTTTCCATTGGTACTAATCTATCAAAAGTAAATCATCAATGTGCGTGCAGTGTAA 1019
DB 1502 ACTTTCCATTGGTACTAATCTATCAAAAGTAAATCATCAATGTGCGTGCAGTGTAA 1561
QY 1020 TAAACCGATGGGTCATATGTCAGACACTGTGAACCGGTGGGGAAGTGGGTAAGAGACG 1079
DB 1562 TAAACCGATGGGTCATATGTCAGACACTGTGAACCGGTGGGGAAGTGGGTAAGAGACG 1621
QY 1080 TAGAATTTACTTTTCAGGGTATGATATACAGTACTGACGTAATAAATAGGTTTGATATATC 1139
DB 1622 TAGAATTTACTTTTCAGGGTATGATATACAGTACTGACGTAATAAATAGGTTTGATATATC 1681
QY 1140 TTTAACTATTTAAAGTGTGTCAGAGACCAAGCATTTAACCATATATATTCGGTGTGT 1199
DB 1682 TTTAACTATTTAAAGTGTGTCAGAGACCAAGCATTTAACCATATATATTCGGTGTGT 1741
QY 1200 AAAAGAGCTGATATATAGTGTGCTGAAGTTAACTGTCTTAAACTTTAAACAATCTTAC 1259
DB 1742 AAAAGAGCTGATATATAGTGTGCTGAAGTTAACTGTCTTAAACTTTAAACAATCTTAC 1801
QY 1260 TGAGTGAATACACTACATTAATATGCCACAACACAGTTAAGTATAGTATAGTAG 1319
DB 1802 TGAGTGAATACACTACATTAATATGCCACAACACAGTTAAGTATAGTATAGTAG 1861
QY 1320 TACTACAGTGAATATATAGTATAGTATAGTTAACTTTACCCAGCCATPACAGGACGCA 1379
DB 1862 TACTACAGTGAATATATAGTATAGTATAGTTAACTTTACCCAGCCATPACAGGACGCA 1921
QY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGGGCTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGCAAGAAC 1439
DB 1922 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGGGCTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGCAAGAAC 1981
QY 1440 AACACAGCATTCGCGACTACTCTGATTTACAGAGATTAATTTGGCTTGCCTCGAGATGG 1499
DB 1982 AACACAGCATTCGCGACTACTCTGATTTACAGAGATTAATTTGGCTTGCCTCGAGATGG 2041
QY 1500 TGATGTGATGAAGAAACAGCACCATATTTGGATTAAGAAACACTTAAGTGGTATGAT 1559
DB 2042 TGATGTGATGAAGAAACAGCACCATATTTGGATTAAGAAACACTTAAGTGGTATGAT 2101
QY 1560 TGCAATTTACATATAGCAATGGCATTGATGCAGGTAAATAAAGATCAATCTTGGCAA 1619
DB 2102 TGCAATTTACATATAGCAATGGCATTGATGCAGGTAAATAAAGATCAATCTTGGCAA 2161
QY 1620 AGTATGAGAGTGTATAGATGGGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTTT 1679
DB 2162 AGTATGAGAGTGTATAGATGGGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTTT 2221
QY 1680 AAACGAGGCGGTGCGATCAGTGTACACACTACTGAATATACAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
DB 2222 AAACGAGGCGGTGCGATCAGTGTACACACTACTGAATATACAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
QY 1740 CAATGTTACCGCCCAACTTACACATTTGGCTGAAGAACACACGAGCTTAACAGTATGG 1799
DB 2282 CAATGTTACCGCCCAACTTACACATTTGGCTGAAGAACACACGAGCTTAACAGTATGG 2341
QY 1800 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTACGAACAATACCTTATAGTACCGCCGA 1859
DB 2342 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTACGAACAATACCTTATAGTACCGCCGA 2401
QY 1860 ACATTTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGGCGTGCAGTGTCTCAAAAGCTT 1919
DB 2402 ACATTTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGGCGTGCAGTGTCTCAAAAGCTT 2461

Qy	1920	TACGGTTAAAGAAAGAGACGATGTATACGCCCAACGCTATCACCGGTGGCTAAAGATACGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAAAGAGACGATGTATACGCCCAACGCTATCACCGGTGGCTAAAGATACGAC	2521
Qy	1980	AAAAAATGCGCGGGCGAGTCGACTCTTAAAACTCAAAGGTAAAAAGCGCTCAACGGATTGC	2039
Db	2522	AAAAAATGCGCGGGCGAGTCGACTCTTAAAACTCAAAGGTAAAAAGCGCTCAACGGATTGC	2581
Qy	2040	TACCAAAAAAGATGATACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAATACGGGTCTGACCATTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGATACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAATACGGGTCTGACCATTGG	2641
Qy	2100	CAAAAGACACCTTAACACACGATGCGCTTGACTGTAAAGATACCAACGACAAATCCAACT	2159
Db	2642	CAAAAGACACCTTAACACACGATGCGCTTGACTGTAAAGATACCAACGACAAATCCAACT	2701
Qy	2160	CGGTCCTAATGCGCATTAATTAATTTCTAATGATGATGATGATATCCAGGTACCGGATTTGC	2219
Db	2702	CGGTCCTAATGCGCATTAATTAATTTCTAATGATGATGATGATATCCAGGTACCGGATTTGC	2761
Qy	2220	AAATATCCGCTGCGATTACGAGAGATAAAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGTCGACGTTGA	2279
Db	2762	AAATATCCGCTGCGATTACGAGAGATAAAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGTCGACGTTGA	2821
Qy	2280	TACAAACAAACCTTTATCTTGTATCAGACAAAGCTACAAAGTTGGCAATGTTAAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAAACCTTTATCTTGTATCAGACAAAGCTACAAAGTTGGCAATGTTAAAGATTACCA	2881
Qy	2340	CACATGGCATTTACGCGAGGTGTTAAACGCATACAGGGGCTGCCACACACGCGCTAGAT	2399
Db	2882	CACATGGCATTTACGCGAGGTGTTAAACGCATACAGGGGCTGCCACACACGCGCTAGAT	2941
Qy	2400	TGCGCATCAAAAGTAGCGCGCAACCTAGAACCTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAAGCAATC	2459
Db	2942	TGCGCATCAAAAGTAGCGCGCAACCTAGAACCTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAAGCAATC	3001
Qy	2460	CACACGCTGCCAGCATTTATGATATATTAATACAGGCTTTAAACCTAAAAATTAATMACA	2519
Db	3002	CACACGCTGCCAGCATTTATGATATATTAATACAGGCTTTAAACCTAAAAATTAATMACA	3061
Qy	2520	CCCCATTTGACCTTTGTCCCACTTATACATATTTGGACCTTTGGCAATGGCAATGGCACACAC	2579
Db	3062	CCCCATTTGACCTTTGTCCCACTTATACATATTTGGACCTTTGGCAATGGCAATGGCACACAC	3121
Qy	2580	CGCCACAGTAAACCATATGATACCGCTAAACAAAACAGTAAGGTGATATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAAACCATATGATACCGCTAAACAAAACAGTAAGGTGATATGATGTGAATGT	3181
Qy	2640	GGATGATATACACCACTTCATCTAAACAGGCACTGATGACATATAAAAACTTTGGCGCTCAAAC	2699
Db	3182	GGATGATATACACCACTTCATCTAAACAGGCACTGATGACATATAAAAACTTTGGCGCTCAAAC	3241
Qy	2700	CACCAAACTGAACAAAACAAGTCTTAATGTATATACAGACTAACTTTAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGAACAAAACAAGTCTTAATGTATATACAGACTAACTTTAATGTTAACTC	3301
Qy	2760	TAGTGAATGAAGATAGCCCTTTTAAACGCCAAAGACATCGCGGAAATCTAAACACCCCTAGC	2819
Db	3302	TAGTGAATGAAGATAGCCCTTTTAAACGCCAAAGACATCGCGGAAATCTTAACACCCCTAGC	3361
Qy	2820	CMAAGAAATTTACACACCAACAAAGGACAGACACACCGCCCTACAAACCTTTACCGTTAA	2879
Db	3362	CMAAGAAATTTACACACCAACAAAGGACAGACACACCGCCCTACAAACCTTTACCGTTAA	3421
Qy	2880	AAAGGTGATGAATTAATTAATATCTGATGACGCCCAACGCGCATACCGGTGGCTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTGATGAATTAATTAATATCTGATGACGCCCAACGCGCATACCGGTGGCTCAAAAGAA	3481
Qy	2940	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACGCTCAAAGGTGAAAAAGCGCTTAATATTTAAAC	2999
Db	3482	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACGCTCAAAGGTGAAAAAGCGCTTAATATTTAAAC	3541
Qy	3000	CGACAAAAAATGATACGGTTACCTTTGGCATTTAACACACCAACAGCGGTCTTTAAAGCGCGCA	3059

[illegible]

Dh 4622 CAAGGCCAGTATATCGTGTCTATTAACACCTTATCTGGCAGATCCAACTGGCAA 4681
Qy 4140 AGGGGCAAGCCAGCAACCTCAGACGCTATGTGAGTCTGATGGCAATTAAGTTCAT 4199
Dh 4682 AGGGGCAAGCCAGCAACCTCAGACGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTTCAT 4741
Qy 4200 CTATGACAGTACGATTAACAAAGTACTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTATTAAC 4239
Dh 4742 CTATGACAGTACGATTAACAAAGTACTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTATTAAC 4801
Qy 4260 CAAGAAGTTGGCCAAGCAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAAACCCAGATGGCAGATTGGC 4319
Dh 4802 CAAGAAGTTGGCCAAGCAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAAACCCAGATGGCAGATTGGC 4861
Qy 4320 TCAAAATGATGTCAAAATCAGTCTATTAACAAAGAAAGTAAATGATGGCAATTAAGCA 4379
Dh 4862 TCAAAATGATGTCAAAATCAGTCTATTAACAAAGAAAGTAAATGATGGCAATTAAGCA 4921
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGACAAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAA 4439
Dh 4922 AGGCATCAATGAAGACAAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACAA 4981
Qy 4440 AACCAAAAACGCCGAGTAAGTGTGGGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 4499
Dh 4982 AACCAAAAACGCCGAGTAAGTGTGGGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 5041
Qy 4500 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACAGGGCTAAAAAACTGGGGCAGACTTGGACATCAAAAG 4559
Dh 5042 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACAGGGCTAAAAAACTGGGGCAGACTTGGACATCAAAAG 5101
Qy 4560 TGGGCAACACAGACACCAATTAAGTAACTAACGATTAACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGA 4619
Dh 5102 TGGGCAACACAGACACCAATTAAGTAACTAACGATTAACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGA 5161
Qy 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCTTAATGCAAGTGG 4679
Dh 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCTTAATGCAAGTGG 5221
Qy 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGGCAAAAGCAA 4739
Dh 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGGCAAAAGCAA 5281
Qy 4740 CACCCCTGTGCTAAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCAATAATGTTGG 4799
Dh 5282 CACCCCTGTGCTAAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCAATAATGTTGG 5341
Qy 4800 CAAAGGCAAAAGATACCGA-CGGTGGCAATGTACAAACACTTAAGCAAGATAGGCAACT 4858
Dh 5342 CAAAGGCAAAAGATACCGA-CGGTGGCAATGTACAAACACTTAAGCAAGATAGGCAACT 5401
Qy 4859 TGTGGGCTCTTGATATGCTGTGATATGATTAACGGCTGACGGCAATCAGGTAACAATTGGCG 4918
Dh 5402 TGTGGGCTCTTGATATGCTGTGATATGATTAACGGCTGACGGCAATCAGGTAACAATTGGCG 5461
Qy 4919 ACATCAAAAAAGACCCCAATTCAGGTCATATCAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGCA 4978
Dh 5462 ACATCAAAAAAGACCCCAATTCAGGTCATATCAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGCA 5521
Qy 4979 CGGTACTTGGGGGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 5038
Dh 5522 CGGTACTTGGGGGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 5581
Qy 5039 TGGGCGTGGATTAAGACGCAACGCTTAACGGCGATTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5098
Dh 5582 TGGGCGTGGATTAAGACGCAACGCTTAACGGCGATTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5641
Qy 5099 AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCGCAGTCAAGCAACT 5158
Dh 5642 AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCGCAGTCAAGCAACT 5701
Qy 5159 ATTTGACCAACAGCCCGCAGAGGCAATGACAGAAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGA 5218
Dh 5702 ATTTGACCAACAGCCCGCAGAGGCAATGACAGAAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGA 5761

Qy 5219 TCCATGTCAACAGTGGCAATCAAGAGCCTGTGTGACAAAGGCGGTAAGGCAATGACTCAA 5278
Dh 5762 TCCATGTCAACAGTGGCAATCAAGAGCCTGTGTGACAAAGGCGGTAAGGCAATGACTCAA 5821
Qy 5279 GTGCTCAGGCAACGACTCATGAGTGTGATGTTTCCAGGCGCAAGGCGAGATGTGAACCG 5338
Dh 5822 GTGCTCAGGCAACGACTCATGAGTGTGATGTTTCCAGGCGCAAGGCGAGATGTGAACCG 5881
Qy 5339 CCGTTGCCATTAAGGCAACAAACCAAGCAGCAACCAATCATCGCATGGGTATTAACG 5398
Dh 5882 CCGTTGCCATTAAGGCAACAAACCAAGCAGCAACCAATCATCGCATGGGTATTAACG 5941
Qy 5399 CACAAGCAGCGGCGATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGTAAAGC 5458
Dh 5942 CACAAGCAGCGGCGATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGTAAAGC 6001
Qy 5459 ACTCTGTCATGCGGAGGCAACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTATGAGTGGGTA 5518
Dh 6002 ACTCTGTCATGCGGAGGCAACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTATGAGTGGGTA 6061
Qy 5519 ATTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTTTGGTGTGGGCAATAACATCA 5578
Dh 6062 ATTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTTTGGTGTGGGCAATAACATCA 6121
Qy 5579 CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCTTAAAGTCAAACTGCGCATGAGTCAGGCAACAC 5638
Dh 6122 CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCTTAAAGTCAAACTGCGCATGAGTCAGGCAACAC 6181
Qy 5639 ACGCAGGCAACAAAGCAAAATCTGACGCGACAGCAGAGTACACACCAACAGCAGGTG 5698
Dh 6182 ACGCAGGCAACAAAGCAAAATCTGACGCGACAGCAGAGTACACACCAACAGCAGGTG 6241
Qy 5699 CAACGGTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGCGGTTGTTGGGCTCCGTGGGTG 5758
Dh 6242 CAACGGTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGCGGTTGTTGGGCTCCGTGGGTG 6301
Qy 5759 CCTCAGGTCTGAAAGCGCGTATCCAAATGTGACAGCAGGTGAGTCAATGCGCACAGCA 5818
Dh 6302 CCTCAGGTCTGAAAGCGCGTATCCAAATGTGACAGCAGGTGAGTCAATGCGCACAGCA 6361
Qy 5819 CCGATGCGGTAATGTATGAGCAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCA 5878
Dh 6362 CCGATGCGGTAATGTATGAGCAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCA 6421
Qy 5879 ATGAGCTTGACCATGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGACAGGATTTCAATCAG 5938
Dh 6422 ATGAGCTTGACCATGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGACAGGATTTCAATCAG 6481
Qy 5939 CGATGCGGATGGGCTCATGCGCAACAGCTTCAATTCCTGGCAGATCCATGGTTACGGGG 5998
Dh 6482 CGATGCGGATGGGCTCATGCGCAACAGCTTCAATTCCTGGCAGATCCATGGTTACGGGG 6541
Qy 5999 GTATTGGCAGCCACAAAGCGTAAGGTGGGCGGAGTGGGCGATGCGAGTGTGCGATA 6058
Dh 6542 GTATTGGCAGCCACAAAGCGTAAGGTGGGCGGAGTGGGCGATGCGAGTGTGCGATA 6601
Qy 6059 ATGTCATTAAGGTAATTAATCAATGTTTCAAGCGGATGACCAAGGCGCATGTAGGGGCG 6118
Dh 6602 ATGTCATTAAGGTAATTAATCAATGTTTCAAGCGGATGACCAAGGCGCATGTAGGGGCG 6661
Qy 6119 CAGTTGGTGCAGGTTTACTTT 6141
Dh 6662 CAGTTGGTGCAGGTTTACTTT 6684

RESULT 6
AX079914 LOCUS AX079914 5976 bp DNA Linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 2 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079914
VERSION AX079914.1 GI:13159437
KEYWORDS

SOURCE Moraxella catarrhalis.
ORGANISM Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
REFERENCE 1 (bases 1 to 5976)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
JOURNAL Patent: WO 0107619-A 2 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES
source
Location/Qualifiers
1..5976
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 1972 a 1360 c 1355 g 1289 t
ORIGIN
Query Match 97.3%; Score 5976; DB 6; Length 5976;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 946 ACGAAGCGGGTCCACTTTCATGGTAGTAACCTATCAAAAGCTAAATCATCAATGTC 1005
DB 781 ACGAAGCGGGTCCACTTTCATGGTAGTAACCTATCAAAAGCTAAATCATCAATGTC 840
QY 1006 GGTGACGGTGTAAATAAACCAGATGGCGTCAATGTGGCACAGCTAGAACGGGTGTGAAG 1065
DB 841 GGTGACGGTGTAAATAAACCAGATGGCGTCAATGTGGCACAGCTAGAACGGGTGTGAAG 900
QY 1066 TGGGCTAAGAGCGGTGAATTAATTTTCAGGGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATA 1125
DB 901 TGGGCTAAGAGCGGTGAATTAATTTTCAGGGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATA 960
QY 1126 GGTGATTAATCTTAACTATTAAAGGTGGTGCAGAGACCAACCATTAAACCGTAAT 1185
DB 961 GGTGATTAATCTTAACTATTAAAGGTGGTGCAGAGACCAACCATTAAACCGTAAT 1020
QY 1186 AATATCGGTGTGTAAAGAGCGTGAATTAATGTGCTGTAAGTTAACTTGTCTAAACT 1245
DB 1021 AATATCGGTGTGTAAAGAGCGTGAATTAATGTGCTGTAAGTTAACTTGTCTAAACT 1080
QY 1246 TTAAACATCTTACTGAGGTGAATACACTACTTTAAATGCCAACACACAGTTAAGTTA 1305
DB 1081 TTAAACATCTTACTGAGGTGAATACACTACTTTAAATGCCAACACACAGTTAAGTTA 1140
QY 1306 GGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTAATGATAGTAGTTAATCTTACCTTACCCAGCC 1365
DB 1141 GGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTAATGATAGTAGTTAATCTTACCTTACCCAGCC 1200
QY 1366 AATACAGGAGCTCAAGACCAACCAACCCGCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT 1425
DB 1201 AATACAGGAGCTCAAGACCAACCAACCCGCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT 1260
QY 1426 AATATGCGAAGAACCAACAGCAGCAATCGCAGCTACTGCTTTACGAGATTAATTTGGC 1485
DB 1261 AATATGCGAAGAACCAACAGCAGCAATCGCAGCTACTGCTTTACGAGATTAATTTGGC 1320
QY 1486 TTTGCTCGAGATGGTATGATGTGAAGAAACAAGCACCATATTGTGATAAAAACAATT 1545
DB 1321 TTTGCTCGAGATGGTATGATGTGAAGAAACAAGCACCATATTGTGATAAAAACAATT 1380
QY 1546 AAGTGGGTAGTGTTCATTAACCATTAAGCAATGGCATTTGATGACAGTATAAAAAAGATC 1605
DB 1381 AAGTGGGTAGTGTTCATTAACCATTAAGCAATGGCATTTGATGACAGTATAAAAAAGATC 1440
QY 1606 AGTAATCTTGCCAAAGGTAGCAGTGTAAAGTGGCTTTACATCGAAGACGTCAAAAGCC 1665
DB 1441 AGTAATCTTGCCAAAGGTAGCAGTGTAAAGTGGCTTTACATCGAAGACGTCAAAAGCC 1500
QY 1666 GCCAAGCCTATTAAACGAGCGGTGGCATAGTGTACACCTACTGTAATATACATT 1725
DB 1501 GCCAAGCCTATTAAACGAGCGGTGGCATAGTGTGTACACCTACTGTAATATACATT 1560
QY 1726 GATGCTAAGAGTGGCAATGTTTACCGGCCCAACTTACAAACATTTGCGGTGAAGAACCCAG 1785
DB 1561 GATGCTAAGAGTGGCAATGTTTACCGGCCCAACTTACAAACATTTGCGGTGAAGAACCCAG 1620
QY 1786 CTTAAGAGTATGGCAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTACGAACAATATAGC 1845
DB 1621 CTTAAGAGTATGGCAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTAGGAACAATATAGC 1680
QY 1846 TTAGTTACGCGCAACATTTGGCAAGCTATCTAAATGAATCAATGAACGGGTGACAGT 1905
DB 1681 TTAGTTACGCGCGCAACATTTGGCAAGCTATCTAAATGAATCAATGAACGGGTGACAGT 1740
QY 1906 GCTCTCAAAAGCTTAAACGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTG 1965
DB 1741 GCTCTCAAAAGCTTAAACGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTG 1800
QY 1966 GCTAAAGATACGCAAAAAATGCGGCGCAGTGTAGCATCTTAAACTCAAAAGTTAAAAAC 2025
DB 1801 GCTAAAGATACGCAAAAAATGCGGCGCAGTGTAGCATCTTAAACTCAAAAGTTAAAAAC 1860
QY 2026 GGTCTAAGCGTGTCTACCAAAAAAGATGTAGCGTTACTTTGGCGTTACCAAGATAGC 2085

```
|||||
Db 1861 GGTCTAAGGTTGCTACGAAAAAAGATGTAAGTGTACCTTTGGGCTTAGCGCAAGATAGC 1920
|||||
Oy 2086 GGTCTGACCAATTTGGCAAAAGCACCTTAACAACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC 2145
|||||
Db 1921 GGTCTGACCAATTTGGCAAAAGCACCTTAACAACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC 1980
|||||
Oy 2146 GAACAAATCCAAAGTGGGTGAATGATGATTAATTTACTAATGTAAGTGTAGTAATCCA 2205
|||||
Db 1981 GACAAATCCAAAGTGGGTGAATGATGATTAATTTACTAATGTAAGTGTAGTAATCCA 2040
|||||
Oy 2206 GGTACTGGCAATTTGCAAAATACCGCTGCAATTACAGAGATAAAAATGGCTTTGCTGCTCT 2265
|||||
Db 2041 GGTACTGGCAATTTGCAAAATACCGCTGCAATTACAGAGATAAAAATGGCTTTGCTGCTCT 2100
|||||
Oy 2266 GATGCTGCAAGTTGATACAAACAAACCTTATCTGTATCAAGACAACTCAAGTTGGCAAT 2325
|||||
Db 2101 GATGCTGCAAGTTGATACAAACAAACCTTATCTGTATCAAGACAACTCAAGTTGGCAAT 2160
|||||
Oy 2236 GTTAAGATTACCAACACTGCGCATTTAACGAGGTGTTAAAGCCATCAGGGCTGTCCCA 2385
|||||
Db 2161 GTTAAGATTACCAACACTGCGCATTTAACGAGGTGTTAAAGCCATCAGGGCTGTCCCA 2220
|||||
Oy 2386 ACACGTGCTAGCATTTGCGGATCAAAAGTAAAGCCGCAACATGAACTGGGCAATCAATCCA 2445
|||||
Db 2221 ACACGTGCTAGCATTTGCGGATCAAAAGTAAAGCCGCAACATGAACTGGGCAATCAATCCA 2280
|||||
Oy 2446 GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGCAATTAATGATATTTAAATACAGCTTTAACTA 2505
|||||
Db 2281 GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGCAATTAATGATATTTAAATACAGCTTTAACTA 2340
|||||
Oy 2506 AAAAAATTAATACACACCCCATTTGCTGCTCCTTATGACATGTTGACTTTGGCAAT 2565
|||||
Db 2341 AAAAAATTAATACACACCCCATTTGCTGCTCCTTATGACATGTTGACTTTGGCAAT 2400
|||||
Oy 2566 GGCATATGCCACACCGCCCACTAAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGGTA 2625
|||||
Db 2401 GGCATATGCCACACCGCCCACTAAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGGTA 2460
|||||
Oy 2626 TTTGATGTGAATGTGGATGATACAAACCATTCATTAACAGGCACTGATGACATTAACAAA 2685
|||||
Db 2461 TTTGATGTGAATGTGGATGATACAAACCATTCATTAACAGGCACTGATGACATTAACAAA 2520
|||||
Oy 2686 CTTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAACAGTGTAAATGTAATGTAATGACCACTAAC 2745
|||||
Db 2521 CTTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAACAGTGTAAATGTAATGTAATGACCACTAAC 2580
|||||
Oy 2746 TTTAATGTTAACTGATGATGAAGTGGCTTTGTTAAGGCCAAGACATGCGCGAAAT 2805
|||||
Db 2581 TTTAATGTTAACTGATGATGAAGTGGCTTTGTTAAGGCCAAGACATGCGCGAAAT 2640
|||||
Oy 2806 CTTAAACACCTTAGCCAAAGAAATTCACACACCACCAAGGCAAGACACCGCCCTACAA 2865
|||||
Db 2641 CTTAAACACCTTAGCCAAAGAAATTCACACACCACCAAGGCAAGACACCGCCCTACAA 2700
|||||
Oy 2866 ACCTTTACCGTTAAAAAGTGAATGAATAATATGCTGATGAGCCCAAGCCATCAC 2925
|||||
Db 2701 ACCTTTACCGTTAAAAAGTGAATGAATAATATGCTGATGAGCCCAAGCCATCAC 2760
|||||
Oy 2926 GTGGGTCAAAAGACCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACCTCAAGAGTGAAGCGGT 2985
|||||
Db 2761 GTGGGTCAAAAGACCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACCTCAAGAGTGAAGCGGT 2820
|||||
Oy 2986 CTTAATATTAAAAACGCAAAAAATGTTAGCTTACCTTTGGCATTTAAACACCAAGCGGT 3045
|||||
Db 2821 CTTAATATTAAAAACGCAAAAAATGTTAGCTTACCTTTGGCATTTAAACACCAAGCGGT 2880
|||||
Oy 3046 CTTAAAGCCGGCAAAAGCAACCTTAAGCAAGGTGGCTTGTCTATTATTAACCAACCCACTG 3105
|||||
Db 2881 CTTAAAGCCGGCAAAAGCAACCTTAAGCAAGGTGGCTTGTCTATTATTAACCAACCCACTG 2940
|||||
Oy 3106 ACGGAACAAATCCAAAGTGGGTGCTGATGGCTGAAGTTGGCCAAAGTTAATATATG 3165
|||||

|||||
Db 2941 AGCGAACAATCCAAAGTGGGTGCTGATGGCGGTGAAGTTGGCAAGTTAATATATG 3000
|||||
Oy 3166 GTTAGAGTGGCTGGCATTTGATGGCAACATTCGATTAACAGATGAATATGCTTACT 3225
|||||
Db 3001 GTTAGAGTGGCTGGCATTTGATGGCAACATTCGATTAACAGATGAATATGCTTACT 3060
|||||
Oy 3226 GGAACATTAATGGCTCATTTGATTAAGCAAAACCCCAACCTTAAGCAAAAGCGGATTAACGCA 3285
|||||
Db 3061 GGAACATTAATGGCTCATTTGATTAAGCAAAACCCCAACCTTAAGCAAAAGCGGATTAACGCA 3120
|||||
Oy 3286 GGTGTTAAAGATTTACCAATTCAAATCAGTGAAGTATGGCCCAAAACAGCATGATGCT 3345
|||||
Db 3121 GGTGTTAAAGATTTACCAATTCAAATCAGTGAAGTATGGCCCAAAACAGCATGATGCT 3180
|||||
Oy 3346 GTGACAGCGCGCAAGATTTATGATTTAAAGCCCAACTTGAACCAAAATCAGCATGACT 3405
|||||
Db 3181 GTGACAGCGCGCAAGATTTATGATTTAAAGCCCAAGCTGTAACCAAGCATGACT 3240
|||||
Oy 3406 GCCAAACAGCACAAACCTCATTTACAGCAATTTCTCAGTACGATGAACAAAGTAAATAC 3465
|||||
Db 3241 GCCAAACAGCACAAACCTCATTTACAGCAATTTCTCAGTACGATGAACCAAGGTAATAC 3300
|||||
Oy 3466 TTTACGTTAGTAACCTTACCTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCAC 3525
|||||
Db 3301 TTTACGTTAGTAACCTTACCTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCAC 3360
|||||
Oy 3526 TTTGAGGTGAAGAAAGCGGATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGGCAAT 3585
|||||
Db 3361 TTTGAGGTGAAGAAAGCGGATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGGCAAT 3420
|||||
Oy 3586 GACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGGCTTAAGCTGACCGGGTAATTAATGAGCAAGG 3645
|||||
Db 3421 GACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGGCTTAAGCTGACCGGGTAATTAATGAGCAAGG 3480
|||||
Oy 3646 ATTGTCATTGACAGCAAAATGTTCAAAATACATCAGACGACTAAGCAACCTTACCT 3705
|||||
Db 3481 ATTGTCATTGACAGCAAAATGTTCAAAATACATCAGACGACTAAGCAACCTTACCT 3540
|||||
Oy 3706 AATGTTACCAATGATTAAGTAAAGTACGCTACGACACAGACAGGCAATTAATCAACAG 3765
|||||
Db 3541 AATGTTACCAATGATTAAGTAAAGTACGCTACGACACAGACAGGCAATTAATCAACAG 3600
|||||
Oy 3766 GAAAGCAAAACCGTGGCGCCGCAATTTGATGATGCTTAAGGCGGCTTAACCTTGCA 3825
|||||
Db 3601 GAAAGCAAAACCGTGGCGCCGCAATTTGATGATGCTTAAGGCGGCTTAACCTTGCA 3660
|||||
Oy 3826 GGCATATGTTGAAGCGGTTGACTTTGCTCCACTTAATGACACCGTCAACTTTGCCGATGG 3885
|||||
Db 3661 GGCATATGTTGAAGCGGTTGACTTTGCTCCACTTAATGACACCGTCAACTTTGCCGATGG 3720
|||||
Oy 3886 AATGCCACACCGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAAACCAACCAAGTAAAGTGTCTAT 3945
|||||
Db 3721 AATGCCACACCGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAAACCAACCAAGTAAAGTGTCTAT 3780
|||||
Oy 3946 GATGTCATATGTTGATGATCAACCAATTCAGTTAAGTAAAGTAAAGAACTTTGGCTAAAC 4005
|||||
Db 3781 GATGTCATATGTTGATGATCAACCAATTCAGTTAAGTAAAGTAAAGAACTTTGGCTAAAC 3840
|||||
Oy 4006 ACCACATTTGACCACTACTGGGCAAGGTGCTAATTAATTTGCTTAAGCAATCAACTACT 4065
|||||
Db 3841 ACCACATTTGACCACTACTGGGCAAGGTGCTAATTAATTTGCTTAAGCAATCAACTACT 3900
|||||
Oy 4066 GGCAGATGCGCTTGTCAAGGCGAGTGAATATGTTGCTCATTAACACCTTATCTGGCAG 4125
|||||
Db 3901 GGCAGATGCGCTTGTCAAGGCGAGTGAATATGTTGCTCATTAACACCTTATCTGGCAG 3960
|||||
Oy 4126 ATTCAAATCTGCAAGGCGGCAAGGCAAGGCAAGCAACTCAGCGGCTATGTGATGCTGAT 4185
|||||
Db 3961 ATTCAAATCTGCAAGGCGGCAAGGCGGCAAGGCAAGCAACTCAGCGGCTATGTGATGCTGAT 4020
|||||
Oy 4186 GGCATTAAGTATGCTATGACAGTACCGATTAACAGTAACTATCAAGCCAAATGATGGC 4245
|||||
Db 4021 GGCATTAAGTATGCTATGACAGTACCGATTAACAGTAACTATCAAGCCAAATGATGGC 4080
|||||
```

Oy 4246 ACAGTTGATTAACCAAGAGTTGCCAAAGCAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCCA 4305
 Db 4081 ACAGTTGATTAACCAAGAGTTGCCAAAGCAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCCA 4140
 Oy 4306 GATGGCATTGGCTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 4365
 Db 4141 GATGGCATTGGCTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 4200
 Oy 4366 GCCAATTAACCAAGAGTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 4425
 Db 4201 GCCAATTAACCAAGAGTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 4260
 Oy 4426 GCTTGTGATTAACCAAGAGTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 4485
 Db 4261 GCTTGTGATTAACCAAGAGTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 4320
 Oy 4486 CAACACCGCTGACCTTTGCAAGGGATACAGGCACACGCTTAAACCAAGCTGGCGAG 4545
 Db 4321 CAACACCGCTGACCTTTGCAAGGGATACAGGCACACGCTTAAACCAAGCTGGCGAG 4380
 Oy 4546 TTGACCATCAAAAGTGGGCAAAACACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATGCG 4605
 Db 4381 TTGACCATCAAAAGTGGGCAAAACACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATGCG 4440
 Oy 4606 GTAGCAGGTAAGTGGCTTCACTGTCAAACTTGCACAAAGACCTTAACCAAGC 4665
 Db 4441 GTAGCAGGTAAGTGGCTTCACTGTCAAACTTGCACAAAGACCTTAACCAAGC 4500
 Oy 4666 GTTAATGAGGTGGCACCACCAATGATGACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCG 4725
 Db 4501 GTTAATGAGGTGGCACCACCAATGATGACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCG 4560
 Oy 4726 CAAGCCAAAGCAAAACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGAGCTGGGCGCAAGCT 4785
 Db 4561 CAAGCCAAAGCAAAACCCCTGTGTAAGTGGCAATGGGCTGGAGCTGGGCGCAAGCT 4620
 Oy 4786 ATCAATTAATGTTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGACGCTGCAATGTACACAGTTAAAC 4845
 Db 4621 ATCAATTAATGTTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGACGCTGCAATGTACACAGTTAAAC 4680
 Oy 4846 GAAGTAGCAACTTGTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATACGCTGACGGCAATCAG 4905
 Db 4681 GAAGTAGCAACTTGTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATACGCTGACGGCAATCAG 4740
 Oy 4906 GTAAACATTTGGCGACATCAAAAAGACCAATTCAGGTTCTCATCTAACCGCACTGC 4965
 Db 4741 GTAAACATTTGGCGACATCAAAAAGACCAATTCAGGTTCTCATCTAACCGCACTGC 4800
 Oy 4966 ATCAAAAGGAGGACGCTGCTGGGTAAGGTAATTAACGATACGCAAAACCTTGCAC 5025
 Db 4801 ATCAAAAGGAGGACGCTGCTGGGTAAGGTAATTAACGATACGCAAAACCTTGCAC 4860
 Oy 5026 GGTGGTATACAAAGTGGGCGTGGATAAAGACGCAACGCTAACGGGATTTAAGCAATGT 5085
 Db 4861 GGTGGTATACAAAGTGGGCGTGGATAAAGACGCAACGCTAACGGGATTTAAGCAATGT 4920
 Oy 5086 TGGGTCAAAACCCAAAGATGGCGCAAAAGACCCCTGCTGCCACTTATAAGCCGCA 5145
 Db 4921 TGGGTCAAAACCCAAAGATGGCGCAAAAGACCCCTGCTGCCACTTATAAGCCGCA 4980
 Oy 5146 GGTGACCAACTATTGTCACCAACACCCGAGAGGATTAAGCAAGATTAATGTAACAA 5205
 Db 4981 GGTGACCAACTATTGTCACCAACACCCGAGAGGATTAAGCAAGATTAATGTAACAA 5040
 Oy 5206 GGTATCCGCTTCTCATGTCACAGATGGCAATCAAGACCTGTGGTACAGGCGGTAC 5265
 Db 5041 GGTATCCGCTTCTCATGTCACAGATGGCAATCAAGACCTGTGGTACAGGCGGTAC 5100
 Oy 5266 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAGCA 5325
 Db 5101 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAGCA 5160

Oy 5326 GATGGTAAGCCCGCTTGGCCATAGGACAGACAACCAAGACGAGCAACCATCATCGCC 5385
 Db 5161 GATGGTAAGCCCGCTTGGCCATAGGACAGACAACCAAGACGAGCAACCATCATCGCC 5220
 Oy 5386 ATCGGTATTAACGACCAAGCCACGCGGCGATCAATCCATGCCATCGTACAGCAATGTG 5445
 Db 5221 ATCGGTATTAACGACCAAGCCACGCGGCGATCAATCCATGCCATCGTACAGCAATGTG 5280
 Oy 5446 GTAGCAGGTAAAGCACTCTGGTCCATCGGCGACCCCAAGCACTGTTAAGCTATTAACGT 5505
 Db 5281 GTAGCAGGTAAAGCACTCTGGTCCATCGGCGACCCCAAGCACTGTTAAGCTATTAACGT 5340
 Oy 5506 TACAGTGGGTAAATTAACCAAGTAAACAGTTTACGATGTCACACCAAGCATGCTTGGTGG 5565
 Db 5341 TACAGTGGGTAAATTAACCAAGTAAACAGTTTACGATGTCACACCAAGCATGCTTGGTGG 5400
 Oy 5566 GGCATTAACATCACCGGTGACCGAAGTAATCTGGTTCCTTAAGTTCAACTCTGCATC 5625
 Db 5401 GGCATTAACATCACCGGTGACCGAAGTAATCTGGTTCCTTAAGTTCAACTCTGCATC 5460
 Oy 5626 AGTGCAGGCAACACGACGACGACACCAAGCAAAATCTGACGCGACAGCAAGTCAACC 5685
 Db 5461 AGTGCAGGCAACACGACGACGACACCAAGCAAAATCTGACGCGACAGCAAGTCAACC 5520
 Oy 5686 ACCACAGCAGGTGCAACCGGTACCGTTAAAGCTTGTGTCGACCAACGCGGTTGGTGG 5745
 Db 5521 ACCACAGCAGGTGCAACCGGTACCGTTAAAGCTTGTGTCGACCAACGCGGTTGGTGG 5580
 Oy 5746 GTCTCCGTGGTCTCTCAGGTCTGAACCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTC 5805
 Db 5581 GTCTCCGTGGTCTCTCAGGTCTGAACCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTC 5640
 Oy 5806 AGTGCACACGACGACGATGCGGTCAATGTTACCGAGTGTACAAAGCCCAAGCAAT 5865
 Db 5641 AGTGCACACGACGACGATGCGGTCAATGTTACCGAGTGTACAAAGCCCAAGCAAT 5700
 Oy 5866 GCCAAGCAACCATGAGCTTACCATGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCA 5925
 Db 5701 GCCAAGCAACCATGAGCTTACCATGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCA 5760
 Oy 5926 GGGATTTTCATCAGCATGCGATGCGGTCCATGCAACCAAGCTTCTGGCAGATCC 5985
 Db 5761 GGGATTTTCATCAGCATGCGATGCGGTCCATGCAACCAAGCTTCTGGCAGATCC 5820
 Oy 5986 ATGTTACCGGGGATTTGCCACCAACGCTCAAGTGGCGGTGGCACTGGTGG 6045
 Db 5821 ATGTTACCGGGGATTTGCCACCAACGCTCAAGTGGCGGTGGCACTGGTGG 5880
 Oy 6046 AAGCTGTGCGATTAATGTCATGAGGATTAATTAATCAATGTTCAAGCGATACCAAGGC 6105
 Db 5881 AAGCTGTGCGATTAATGTCATGAGGATTAATTAATCAATGTTCAAGCGATACCAAGGC 5940
 Oy 6106 CATGTAGGGGCGGAGTTGGTCCAGGTTTCACTTT 6141
 Db 5941 CATGTAGGGGCGGAGTTGGTCCAGGTTTCACTTT 5976

RESULT 7
 AX079924 6259 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
 LOCUS Sequence 12 from Patent WO0107619.
 DEFINITION AX079924
 ACCESSION AX079924
 VERSION AX079924.1 GI:13159442
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Moraxella catarrhalis.
 Moraxella catarrhalis
 Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
 Moraxella.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 6259)
 AUTHOR Loosmore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
 TITLE Recombinant hlyh molecular weight major outer membrane protein of
 moraxella
 JOURNAL Patent: WO 0107619-A 12 01-FEB-2001;

CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)									
FEATURES	source	1. .6259	/organism="Moraxella catarrhalis"	/db_xref="taxon:480"					
BASE COUNT	2067 a	1414 c	1393 g	1385 t					
ORIGIN									
Query Match	97.3%	Score 5975:	DB 6:	Length 6259:					
Best Local Similarity	100.0%:	Pred. No. 0:							
Matches 5975:	Conservative	0:	Mismatches	0:	Indels	0:	Gaps	0:	
167	TCATCGGTCGCAACGCTCAGTGGCAGTGTCTTAATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG	226							
2	TCATCGGTGCACACGCTCAGTGGCAGTGTCTTAATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG	61							
227	CAATTGGTGACAAAACCGACCCAGCGCTCAGGCACTCCCAAGCGGACGCGTATCGAG	286							
62	CAATTGGTGACAAAACCGACCCAGCGCTCAGGCACTCCCAAGCGGACGCGTATCGAG	121							
287	CCATTGCTTTTGGTGAAATGCTAACCGCACAGGGCGGTCAAGCCATCGCATCGGTAGTA	346							
122	CCATTGCTTTTGGTGAAATGCTAACCGCACAGGGCGGTCAAGCCATCGCATCGGTAGTA	181							
347	GTAATTAACCTGTCAATGAGACAGTTTGGATAGATAGATAAGTACCGATCGGTACGGTCAAG	406							
182	GTAATTAACCTGTCAATGAGACAGTTTGGATAGATAGATAAGTACCGATCGGTACGGTCAAG	241							
407	AGTCCATCCGCATCGGTGGTGATGTAAGGCTAGTGGTATGCTGATGCCATCGGTA	466							
242	AGTCCATCCGCATCGGTGGTGATGTAAGGCTAGTGGTATGCTGATGCCATCGGTA	301							
467	GTGATGACTTACATTTGGTCTTGATCAGCATGTAATCCTTAACATCCGAAAGTACTCTGA	526							
302	GTGATGACTTACATTTGGTCTTGATCAGCATGTAATCCTTAACATCCGAAAGTACTCTGA	361							
527	TTAAGCATCTTATTAAAGCGGCATGCAAGTATTAAAGAAATAGCAACCTCAAGAGATATAG	586							
362	TTAAGCATCTTATTAAAGCGGCATGCAAGTATTAAAGAAATAGCAACCTCAAGAGATATAG	421							
587	ATGTAATAATATAGACGCACAAACCGCAAGCGGACACCGCAGTACTGCAAGTGGAGCATGT	646							
422	ATGTAATAATATAGACGCACAAACCGCAAGCGGACACCGCAGTACTGCAAGTGGAGCATGT	481							
647	CATATGCACAGGCTCATTTTCCACAGCCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAAGTGCCT	706							
482	CATATGCACAGGCTCATTTTCCACAGCCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAAGTGCCT	541							
707	ATTCTCTTGGAGTGGGCTCTGCGGCACACAGCCGAGGGCCAAATCTACATTCGCTATTGGTT	766							
542	ATTCTCTTGGAGTGGGCTCTGCGGCACACAGCCGAGGGCCAAATCTACATTCGCTATTGGTT	601							
767	CTGATGCAACATCTAGCTGCTGGGAGCGATAGCCCTTGTCAGAGTATCTGCTGCTACG	826							
602	CTGATGCAACATCTAGCTGCTGGGAGCGATAGCCCTTGTCAGAGTATCTGCTGCTACG	661							
827	TACAGGCACTATTTGCCCTTAGGTCAAGGCTCTGTGGTCATCGAGAGTAAATAATCTTA	886							
662	TACAGGCACTATTTGCCCTTAGGTCAAGGCTCTGTGGTCATCGAGAGTAAATAATCTTA	721							
887	GACCGGCTTATACACCAAAATACCGAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA	946							
722	GACCGGCTTATACACCAAAATACCGAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA	781							
947	CGAAGCGGGGTCCACTTTCCATTGGTAGTAACCTTATCAAAACGTAATAATCATCAATGCG	1006							
782	CGAAGCGGGGTCCACTTTCCATTGGTAGTAACCTTATCAAAACGTAATAATCATCAATGCG	841							
1007	GTGACGCTGTTAAATAAACCGATCGGCTCAATGGGCACAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGT	1066							
842	GTGACGCTGTTAAATAAACCGATCGGCTCAATGGGCACAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGT	901							
1067	GCGCTAAGGAGCGCTAGATACTTTTCAGGGGTATGATAACAGTACTGACGCTAAAAATAG	1126							

Db	902	GGGCTAAGGACGGTACAAATTACTTTTCAGGGTGGATGATACAGTACTGACGTAAAAATATG	961
Qy	1127	GTTTGGATATATACTTTTAAGGTGAGAGACCAACGCACTTAACCGATATA	1186
Db	962	GTTTGGATATATACTTTAACATTTAAAGGGGGTGCAGACCAACGCACTTAACCGATATA	1021
Qy	1187	ATATCGGTGGTAAANAAGGGCGTAATATAGGGCTGAAGGTTAAACTTGTCTAAACTT	1246
Db	1022	ATATCGGTGGTAAANAAGGGCGTAATATAGGGCTGAAGGTTAAACTTGTCTAAACTT	1081
Qy	1247	TAAACAATCTTACTGAGGTGAATACAACACTATTAATGCCACAACCAAGTTAAGGTAG	1306
Db	1082	TAAACAATCTTACTGAGGTGAATACAACACTATTAATGCCACAACCAAGTTAAGGTAG	1141
Qy	1307	GTAAGTACTAGTACTACAGCTGMAATTGTAGAGTATAGTTAACTTTAACCCAGGCCA	1366
Db	1142	GTAAGTACTAGTACTACAGCTGMAATTGTAGAGTATAGTTAACTTTAACCCAGGCCA	1201
Qy	1367	ATACAGGACGACAAAGCACAAGCAAAACCCGTATAGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTA	1426
Db	1202	ATACAGGACGACAAAGCACAAGCAAAACCCGTATAGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTA	1261
Qy	1427	ATATATGCAAAAACACACAGCAGCAATGCGCATCTCTGTATTCACAGATTAATATGGCT	1486
Db	1262	ATATATGCAAAAACACACAGCAGCAATGCGCATCTCTGTATTCACAGATTAATATGGCT	1321
Qy	1487	TTGGCTCGAGTGGATGGTGTGATGAANAACCAAGCAACCATTTTGGATAAAAACAATT	1546
Db	1322	TTGGCTCGAGTGGATGGTGTGATGAANAACCAAGCAACCATTTTGGATAAAAACAATT	1381
Qy	1547	AAATGGAGTATGTTGCAATTACATATAGACAAATGGCATTTGATGACAGTATATAAAGTCA	1606
Db	1382	AAATGGAGTATGTTGCAATTACATATAGACAAATGGCATTTGATGACAGTATATAAAGTCA	1441
Qy	1607	GTAATCTTGCCAAAGGATAGCAGTGTCAACGATGCGGTTACCATCGAACAGCTCAAAAGCG	1666
Db	1442	GTAATCTTGCCAAAGGATAGCAGTGTCAACGATGCGGTTACCATCGAACAGCTCAAAAGCG	1501
Qy	1667	CCAAGCTACTTTAAGCAGAGGGCGTGGCATAGTGTCAACCTCTCTAAATATACAGTTG	1726
Db	1502	CCAAGCTACTTTAAGCAGAGGGCGTGGCATAGTGTCAACCTCTCTAAATATACAGTTG	1561
Qy	1727	ATGCTTAAGAGTGGCAATGTTACGCCCCCAACTTACAACTTGTGGCTGAAAAACAACGAGC	1786
Db	1562	ATGCTTAAGAGTGGCAATGTTACGCCCCCAACTTACAACTTGTGGCTGAAAAACAACGAGC	1621
Qy	1787	TTAACAAGTATGGCATATGATTAATTTATAGTGTTAAGGTTAGTGGTACGAACAATAGCT	1846
Db	1622	TTAACAAGTATGGCATATGATTAATTTATAGTGTTAAGGTTAGTGGTACGAACAATAGCT	1681
Qy	1847	TGATTTACGGCGCAACATTTTGGCAAGCTATCTTAATTAATCAATGCAACGGCTGACAGTG	1906
Db	1682	TGATTTACGGCGCAACATTTTGGCAAGCTATCTTAATTAATCAATGCAACGGCTGACAGTG	1741
Qy	1907	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	1966
Db	1742	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	1801
Qy	1967	CTTAAGATATCGCAAAAAATGCGGGCGCAGTCAGCATTTTAAACCTCAAAAGGTATAAAGC	2026
Db	1802	CTTAAGATATCGCAAAAAATGCGGGCGCAGTCAGCATTTTAAACCTCAAAAGGTATAAAGC	1861
Qy	2027	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	2086
Db	1862	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	1921
Qy	2087	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	2146
Db	1922	GCTCTACAAAGCTTTACGGTTAAGAGAGAGACATATAGCCCAACGCTATCACCGTGG	1961
Qy	2147	AAACAATCCAAATGCGGTCTATATGCAATTAATTTACTATATGATGTAGTACTAATCCAG	2206

Db 1982 AACAAATCAAGTCGTCGTCATTAATTAATTAATGTAATGTAATGTAATCCAG 2041
Oy 2207 GTACTGGATTCGCAATTCACCTCGCATTTACAGAGATAAATGGCTTCTGCTGTCG 2266
Db 2042 GTACTGGATTCGCAATTCACCTCGCATTTACAGAGATAAATGGCTTCTGCTGTCG 2101
Oy 2267 ATGTCGAGTTGATACAAACCAACCTTATCTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAATG 2326
Db 2102 ATGTCGAGTTGATACAAACCAACCTTATCTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAATG 2161
Oy 2327 TTAAGATTACCAACACTGTCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCAAGGCTGTCCCAA 2386
Db 2162 TTAAGATTACCAACACTGTCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCAAGGCTGTCCCAA 2221
Oy 2387 CACGCGCAGATTCGCGATGAAGTACCGGCACATGAGTACCTGGCAATCAATCCAG 2446
Db 2222 CACGCGCAGATTCGCGATGAAGTACCGGCACATGAGTACCTGGCAATCAATCCAG 2281
Oy 2447 ACAAGACAAATCCAAACGCTGCGCATTAATGATATTAATTAATCAAGCTTTAACTAA 2506
Db 2282 ACAAGACAAATCCAAACGCTGCGCATTAATGATATTAATTAATCAAGCTTTAACTAA 2341
Oy 2507 AAAATTAATACACCCCATTTGATCTGCTCCACTTATGACATTTGTCATTTGCCAATG 2566
Db 2342 AAAATTAATACACCCCATTTGATCTGCTCCACTTATGACATTTGTCATTTGCCAATG 2401
Oy 2567 GCATGCGCACACCGCCCATTAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGTGGTAT 2626
Db 2402 GCATGCGCACACCGCCCATTAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGTGGTAT 2461
Oy 2627 ATGATGTAATGTGATGATACAAACCATTCATTAACAGGACGATGATACATAAATAAC 2686
Db 2462 ATGATGTAATGTGATGATACAAACCATTCATTAACAGGACGATGATACATAAATAAC 2521
Oy 2687 TTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAACAAGTGTAAATGTAATGTAATGACCACTAAT 2746
Db 2522 TTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAACAAGTGTAAATGTAATGTAATGACCACTAAT 2581
Oy 2747 TTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 2806
Db 2582 TTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 2641
Oy 2807 TTAACACCCCTAGCCAAAGGAATTCACACACCAAGGACAGACAGCCGCTTACAAA 2866
Db 2642 TTAACACCCCTAGCCAAAGGAATTCACACACCAAGGACAGACAGCCGCTTACAAA 2701
Oy 2867 CCTTACCCTTAAAGAGTACGTAATTAATGATGATGACGCCAAGCCATCACCG 2926
Db 2702 CCTTACCCTTAAAGAGTACGTAATTAATGATGATGACGCCAAGCCATCACCG 2761
Oy 2927 TTGGTCAAAAGACGCAATTAATCAAGTCAACACCTCAACCTCAAGAGTGAAGAGGTC 2986
Db 2762 TTGGTCAAAAGACGCAATTAATCAAGTCAACACCTCAACCTCAAGAGTGAAGAGGTC 2821
Oy 2987 TTAATATTAATAACGCAAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3046
Db 2822 TTAATATTAATAACGCAAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2881
Oy 3047 TTAAGCCGCGCAAAAGCACCTTAACGACGCTGCTTCTATTAATAAACCCACTGGTA 3106
Db 2882 TTAAGCCGCGCAAAAGCACCTTAACGACGCTGCTTCTATTAATAAACCCACTGGTA 2941
Oy 3107 GCGAACAATCCAAAGTCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3166
Db 2942 GCGAACAATCCAAAGTCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3001
Oy 3167 TTGAGTGTGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3226
Db 3002 TTGAGTGTGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3061
Oy 3227 GGACTAATGCTCACTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGAGGCAATTAAGCAG 3286
Db 3062 GGACTAATGCTCACTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGAGGCAATTAAGCAG 3121

Oy 3287 GNGTAAAAAGATTACCAATTCATCAGGTGAGATTGCCAAAGACCATGATGCTG 3346
Db 3122 GTGTAAAAAGATTACCAATTCATCAGGTGAGATTGCCAAAGACCATGATGCTG 3181
Oy 3347 TGACAGCGGCGCAAGATTATGATTTAAAGCAAGCTTGAAGCAAAATCAGCAGTACTG 3406
Db 3182 TGACAGCGGCGCAAGATTATGATTTAAAGCAAGCTTGAAGCAAAATCAGCAGTACTG 3241
Oy 3407 CCAAAACAGCACAAATCTATTACACGAATTCAGTAGCAGATGACAGAGTAACTAAT 3466
Db 3242 CCAAAACAGCACAAATCTATTACACGAATTCAGTAGCAGATGACAGAGTAACTAAT 3301
Oy 3467 TTAGGTTAGTAACCTTACCTACCTATGACACCTCAAGACCTCTATGTCATCACC 3526
Db 3302 TTAGGTTAGTAACCTTACCTACCTATGACACCTCAAGACCTCTATGTCATCACC 3361
Oy 3527 TTGACAGTGAAGAAAGCGCATTCACACAGGTAAATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTG 3586
Db 3362 TTGACAGTGAAGAAAGCGCATTCACACAGGTAAATTAAGGTGTGGTGTGGCATTTG 3421
Oy 3587 ACCAAACCAAGGCTTAAACACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGACAAAGCA 3646
Db 3422 ACCAAACCAAGGCTTAAACACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGACAAAGCA 3481
Oy 3647 TTGTCATGACAGCCCAAAATGTCAAATTAACATCAACAGACTAAGCAACCTCTAGCTA 3706
Db 3482 TTGTCATGACAGCCCAAAATGTCAAATTAACATCAACAGACTAAGCAACCTCTAGCTA 3541
Oy 3707 ATGTTACCAATGATTAAGGTAGCTGACGACACACAGAGGCAATTAATCAAAAGAG 3766
Db 3542 ATGTTACCAATGATTAAGGTAGCTGACGACACACAGAGGCAATTAATCAAAAGAG 3601
Oy 3767 AAGACAAAACCCGTCCGCGACGATTTGATGTCTTAAGCGCAGCTTTAACTTGCAG 3826
Db 3602 AAGACAAAACCCGTCCGCGACGATTTGATGTCTTAAGCGCAGCTTTAACTTGCAG 3661
Oy 3827 GCAATGTAAGAGCGGTGACTTGTCTGACATTAAGACGCTGAACCTTGGCGATGCA 3886
Db 3662 GCAATGTAAGAGCGGTGACTTGTCTGACATTAAGACGCTGAACCTTGGCGATGCA 3721
Oy 3887 ATGCCACACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGCAACAGTAAAGTGTCTAG 3946
Db 3722 ATGCCACACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGCAACAGTAAAGTGTCTAG 3781
Oy 3947 ATGTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4006
Db 3782 ATGTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3841
Oy 4007 CCACATTTGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4066
Db 3842 CCACATTTGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3901
Oy 4067 GCGATGCGCTTGTCAAGGCGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4126
Db 3902 GCGATGCGCTTGTCAAGGCGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3961
Oy 4127 TTCCAATCTGCCAAAGGGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCA 4186
Db 3962 TTCCAATCTGCCAAAGGGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCA 4021
Oy 4187 GCAATTAAGTCAATCTATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4246
Db 4022 GCAATTAAGTCAATCTATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4081
Oy 4247 CAGTTGATTAATAACCAAGAGTTGCCAAAGAGTGGCCAAAGCCAAAGCCAAAGCCAG 4306
Db 4082 CAGTTGATTAATAACCAAGAGTTGCCAAAGAGTGGCCAAAGCCAAAGCCAAAGCCAG 4141
Oy 4307 ATGGCAGATTTGGCTCAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4366
Db 4142 ATGGCAGATTTGGCTCAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4201

4367 CCAATATAAAGCAAGGATCATGTAAGACAAAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAAAAAGCCG 4426
4202 CCAATATAAAGCAAGGATCATGTAAGACAAAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAAAAAGCCG 4261
4427 CTCTGATTAACAAAACCAAAAGCCGCACTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCC 4486
4262 CTCTGATTAACAAAACCAAAAGCCGCACTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCC 4321
4487 AATACCGGCTGACCTTTGCAAGGGGATACAGCAACGCGCTTAAATAAACTGGGAGACTT 4546
4322 AATACCGGCTGACCTTTGCAAGGGGATACAGCAACGCGCTTAAATAAACTGGGAGACTT 4381
4547 TGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACACAAATTAAGCTTAACCGATTAATACATGGTGTG 4806
4382 TGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACACAAATTAAGCTTAACCGATTAATACATGGTGTG 4441
4607 TAGCAGTACTGATGGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGCCTTAACCAATCTTAAACAGC 4666
4442 TAGCAGTACTGATGGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGCCTTAACCAATCTTAAACAGC 4501
4667 TTAATGCAAGTGGGCAACAAATTAAGTGAACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTC 4726
4502 TTAATGCAAGTGGGCAACAAATTAAGTGAACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTC 4561
4727 AAGCCAAAGCAAAACCCCTGTGCTTAAGTGGCAATGGGCTGGAGCTGGGCGCAAGGTCA 4786
4562 AAGCCAAAGCAAAACCCCTGTGCTTAAGTGGCAATGGGCTGGAGCTGGGCGCAAGGTCA 4621
4787 TCAGTAATGTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACG 4846
4632 TCAGTAATGTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACG 4681
4847 AAGTACGCACTGTGGGCTGTGGTAAATGCTGTAATGATTAACGATTAACGCAAACTTGGCACTG 4906
4682 AAGTACGCACTGTGGGCTGTGGTAAATGCTGTAATGATTAACGATTAACGCAAACTTGGCACTG 4741
4907 TAAACATTTGGGCACTCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACG 4966
4742 TAAACATTTGGGCACTCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACG 4801
4967 TCAAAAGCAAGGCAAGTACTTGGGCTTAAGTAAAGTAAATTAACGATTAACGCAAACTTGGCACTG 5026
4802 TCAAAAGCAAGGCAAGTACTTGGGCTTAAGTAAAGTAAATTAACGATTAACGCAAACTTGGCACTG 4861
5027 GTGGTATCAAGTGGGCGGTGATTAAGAGCGGCAAGCTTAACGCGGATTTAAAGCAATGTTT 5086
4863 GTGGTATCAAGTGGGCGGTGATTAAGAGCGGCAAGCTTAACGCGGATTTAAAGCAATGTTT 4921
5087 GGGTCAAAACCCAAAGATGAGCAAAAGGCGCTGTGCTGCACTTAATAAGCGCGCAG 5146
4922 GGGTCAAAACCCAAAGATGAGCAAAAGGCGCTGTGCTGCACTTAATAAGCGCGCAG 4981
5147 GTGAGACCACTATTGACCAACAAAGCGGCAAGGCAATTTGACGAATTAATGAACAG 5206
4982 GTGAGACCACTATTGACCAACAAAGCGGCAAGGCAATTTGACGAATTAATGAACAG 5041
5207 GTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCAATCAAGAGCGCTGTGATCAAGGCGCTAAGC 5266
5042 GTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCAATCAAGAGCGCTGTGATCAAGGCGCTAAGC 5101
5267 GCATTTGATCAAGTGGCTGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5326
5102 GCATTTGATCAAGTGGCTGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5161
5327 ATGGTAAAGCGCGGCTTGGCATTAAGGCAAAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5386
5162 ATGGTAAAGCGCGGCTTGGCATTAAGGCAAAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5221
5387 TCGGTATTAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5446
5222 TCGGTATTAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 5281
5447 TACGAGTAAAGCACTCTGGTGCATGCGGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGTT 5506

5282 TAGCAGTAAAGCACTGTGTCATCGGCGGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGTT 5341
5507 ACAGTGTGGGTAATTAACAACAGGTTTACCGATGCGCATCAACAGCATGTTTGTGTGG 5566
5342 ACAGTGTGGGTAATTAACAACAGGTTTACCGATGCGCATCAACAGCATGTTTGTGTGG 5401
5567 GCATTAACATCAACCGTGACCGCAAGTAACTGGTGGCTTGTAGTTCAAACTGTGCATCA 5626
5402 GCATTAACATCAACCGTGACCGCAAGTAACTGGTGGCTTGTAGTTCAAACTGTGCATCA 5461
5627 GTGACGACACAGCAGGCGACACAAAGCCAAATAATCTGACGCAAGCAAGTACACCA 5686
5462 GTGACGACACAGCAGGCGACACAAAGCCAAATAATCTGACGCAAGCAAGTACACCA 5521
5687 CCACAGCAGGTGACACCGGTAGGTTAAAGGCTTTGCTGAGCAAAAGCGGTTGGTGGG 5746
5522 CCACAGCAGGTGACACCGGTAGGTTAAAGGCTTTGCTGAGCAAAAGCGGTTGGTGGG 5581
5747 TCTCCGTGGGCTGCTGAGGCTGAACGCGCTATCCAAATGTGCGAGCGTGAAGTCA 5806
5582 TCTCCGTGGGCTGCTGAGGCTGAACGCGCTATCCAAATGTGCGAGCGTGAAGTCA 5641
5807 GTGCCACAGCAGCAGTGGGCTCATATGTAACCATGTTTACAAAGCCAAAGCATTG 5866
5642 GTGCCACAGCAGCAGTGGGCTCATATGTAACCATGTTTACAAAGCCAAAGCATTG 5701
5867 CCAAGCAACCAATGAAGCTTGACCATGTAATCCCAAAAGCAAAATTAAGGCAAGTCAAG 5926
5702 CCAAGCAACCAATGAAGCTTGACCATGTAATCCCAAAAGCAAAATTAAGGCAAGTCAAG 5761
5927 GGAATTCATCAGGATGCGATGCGGCTCCATGCGCACACAGCTTCTTCCGCAAGTCA 5986
5762 GGAATTCATCAGGATGCGATGCGGCTCCATGCGCACACAGCTTCTTCCGCAAGTCA 5821
5987 TGGTTACCGGGGGGATATGGCACCAACAGGTCAGGTCGAGTGGGCAAGTGGCA 6046
5822 TGGTTACCGGGGGGATATGGCACCAACAGGTCAGGTCGAGTGGGCAAGTGGGCAAGTGGCA 5881
6047 AGCTGTGGAATATGTCATATGGAATTTAAATCAATGTTTACGCGATTAACCAAGGCC 6106
5882 AGCTGTGGAATATGTCATATGGAATTTAAATCAATGTTTACGCGATTAACCAAGGCC 5941
6107 ATGTAGGGGCGCGATGTTGTCAGGTTTCACTTT 6141
5942 ATGTAGGGGCGCGATGTTGTCAGGTTTCACTTT 5976

RESULT 8

LOCUS AX079920 6159 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 8 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079920
VERSION AX079920.1 GI:13159440
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Moraxella catarhalis.
Moraxella catarhalis.
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;

REFERENCE

1 (bases 1 to 6159)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of Moraxella

JOURNAL

Patent: WO 0107619-A 8 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
Location/Qualifiers
source
1. 6159
/organism="Moraxella catarhalis"
/db_xref="taxon:480"

BASE COUNT

2035 a 1386 c 1385 g 1353 t
ORIGIN
Query Match 66.8%, Score 4101.6; DB 6; Length 6159;

Best Local Similarity 81.3%; Pred. No. 0;
Matches 5063; Conservative 0; Mismatches 1009; Indels 156; Gaps 20;

OY 1 ATGATATCATCTATTAAGTATCTTTTAACAAGCCACAGCACATTTATGCGAGTGGCA 60
 Db 1 ATGATATCATCTATTAAGTATCTTTTAACAAGCCACAGCACATTTATGCGAGTGGCA 60
 OY 61 GAGTACGCAATCCACAGCAGCGGGGGGTAGCTGCTGACAGGGCAAGTGGCAGT 120
 Db 61 GATATGCGCAATCCACAGCAGCGGGGGGTAGCTGCTGACAGGGCAAGTGGCAGT 120
 OY 121 GTATGACTGTGAGCTTTGGCCGATATGCGCGCTGCTGCTGCTGATGCTGCAACG 180
 Db 121 GTACGACTGTGAGCTTTGGCCGATATGCGCGCTGCTGCTGCTGATGCTGCAACG 180
 OY 181 CTGATGCGCAGCTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCGCAATTTGTGACAA 240
 Db 181 CTGATGCGCAGCTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCGCAATTTGTGACAA 240
 OY 241 AACCGCCACAGAGCGCTC-----AGGCACCTGCCAGCGCGAGGTGATGAGCCATTTGCT 294
 Db 241 AACCGCCACAGAGCGCTC-----AGGCACCTGCCAGCGCGAGGTGATGAGCCATTTGCT 294
 OY 258 AACCAAGATTAACACACCGCTGAAGGCCATGCCCTAGCGACAGGTGAAGCATTCCTGCT 297
 Db 258 AACCAAGATTAACACACCGCTGAAGGCCATGCCCTAGCGACAGGTGAAGCATTCCTGCT 297
 OY 295 ATTGCTGAATATGCTAACGCGCAGGCGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTATATAA 354
 Db 295 ATTGCTGAATATGCTAACGCGCAGGCGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTATATAA 354
 OY 355 ACTGTCATGGAAGCAGTTTGGATTAAGTATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATTCATC 414
 Db 355 ACTGTCATGGAAGCAGTTTGGATTAAGTATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATTCATC 414
 OY 415 GCCATCGGTGATGATTAAGGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 474
 Db 415 GCCATCGGTGATGATTAAGGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 474
 OY 418 GCGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 477
 Db 418 GCGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 477
 OY 475 TTACATTTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 534
 Db 475 TTACATTTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 534
 OY 478 TTATATTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 522
 Db 478 TTATATTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 522
 OY 535 CTTATTATGCGCATGCGCATGATTAATAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTATATGATGAAA 594
 Db 535 CTTATTATGCGCATGCGCATGATTAATAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTATATGATGAAA 594
 OY 533 CTTATTATGCGCATGCGCATGATTAATAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTATATGATGAAA 582
 Db 533 CTTATTATGCGCATGCGCATGATTAATAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTATATGATGAAA 582
 OY 595 TATAGACGACACAGCGCAGCAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 654
 Db 595 TATAGACGACACAGCGCAGCAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 654
 OY 583 TATCAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 642
 Db 583 TATCAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 642
 OY 655 CAGGCTCATTTTCCACAGCGCTTTGGTACACGCGGCAACGCTAAAAGTCCCTATTCCTTG 714
 Db 655 CAGGCTCATTTTCCACAGCGCTTTGGTACACGCGGCAACGCTAAAAGTCCCTATTCCTTG 714
 OY 643 CAGGCTCATTTTCCACAGCGCTTTGGTACACGCGGCAACGCTAAAAGTCCCTATTCCTTG 702
 Db 643 CAGGCTCATTTTCCACAGCGCTTTGGTACACGCGGCAACGCTAAAAGTCCCTATTCCTTG 702
 OY 715 GCAGTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 774
 Db 715 GCAGTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 774
 OY 703 GCAGTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 762
 Db 703 GCAGTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 762
 OY 775 ACATGATGCTGCTGGAGCGCATGCGCTTGGTGCAGGATGCTGCTGATGCTGATGCA 834
 Db 775 ACATGATGCTGCTGGAGCGCATGCGCTTGGTGCAGGATGCTGCTGATGCTGATGCA 834
 OY 763 AAAGCTAACGCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 822
 Db 763 AAAGCTAACGCTTGGCGCCACAGCGGCGCAATCTACATGCTATTTGCTGATGCA 822
 OY 835 AGTATTTGCCCTAGGCTGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 891
 Db 835 AGTATTTGCCCTAGGCTGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 891
 OY 823 GCGCTTGGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 882
 Db 823 GCGCTTGGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 882
 OY 892 GCCTTATACCAATACCAAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 951
 Db 892 GCCTTATACCAATACCAAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 951
 OY 883 GCGCTTATACCAATACCAAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 942
 Db 883 GCGCTTATACCAATACCAAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 942
 OY 952 G-----CGGCTCACCTTTCATGCTAGTA-----CTCTTCAACAGCTAA 993
 Db 952 G-----CGGCTCACCTTTCATGCTAGTA-----CTCTTCAACAGCTAA 993
 OY 943 TCTACGATATATTTTCCCTTGTGATAGTATATATATATATATATATATATATATATAT 1002
 Db 943 TCTACGATATATTTTCCCTTGTGATAGTATATATATATATATATATATATATATATAT 1002
 OY 994 ATCATCAATGCTGCGAGGTGTTAATAAACGATGCGGTCAATGCTGACAGCTAGAA 1053
 Db 994 ATCATCAATGCTGCGAGGTGTTAATAAACGATGCGGTCAATGCTGACAGCTAGAA 1053

Db 1003 ATCATCAATGCTGCGAGGTGTTCTCGAGATACCGATGCGGTCAATGCTGACAGCTTAA 1062
 OY 1054 GCGGTGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1107
 Db 1063 TTTGGTGAAGCACTGCTA--ATGCTAAATTTACTTTTAAAGGATGCTGACATATAT 1119
 OY 1108 ACTATGACGCTAAATAATAGTTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1167
 Db 1120 AGCAATAGCGGTGAAAGAGGTTTGGCAATCTTTTATTTTAAAGTATGACACAGAC 1179
 OY 1168 AACGATTAACCGATTAATATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1227
 Db 1180 AACGATTAACCGATTAATATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1233
 OY 1228 GTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATG 1287
 Db 1234 GTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATGCTTAAATG 1278
 OY 1288 ACACACAGTAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1347
 Db 1279 ACCACAAATATCAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1338
 OY 1348 TTAACCTTATCCAGCCCAATACAGGCTGCAAGCAGCAAGCAAAACGCTTATGCGCTT 1407
 Db 1339 TTAACCTTATCCAGCCCAATACAGGCTGCAAGCAGCAAGCAAAACGCTTATGCGCTT 1392
 OY 1408 AATGGGTAAATTTACTAATATATGAGAAACACAGCAGCAATGCGCATCTAGTAT 1467
 Db 1393 AATGGGTAAATTTACTAATATATGAGAAACACAGCAGCAATGCGCATCTAGTAT 1452
 OY 1468 ACCAGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1527
 Db 1453 ACCAGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1512
 OY 1528 TTTGATTAATAACCTTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1587
 Db 1513 TTTGATTAATAACCTTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1572
 OY 1588 GCAAGTAAATAAAGTATGATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1647
 Db 1573 GCAAGTAAATAAAGTATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1632
 OY 1648 ATGCAACAGCTTAAAGCCCGCAAGCCTTAAACGAGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1707
 Db 1633 ATGCAACAGCTTAAAGCCCGCAAGCCTTAAACGAGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1692
 OY 1708 CCTACTGAATATACAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1765
 Db 1693 CCTACTGAATATACAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1752
 OY 1766 -----TTGGGTGAAAAACCGAGCTTAACAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1818
 Db 1753 GAAAGCTTAAAGTGGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1812
 OY 1819 GTTAAAGGTAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1878
 Db 1813 GTTAAAGGTAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1872
 OY 1879 AATGAATCAATGCAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1938
 Db 1873 AATGAATCAATGCAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1932
 OY 1939 GATGATGAGC-----CCAGCCTTACACCGTGGCT 1968
 Db 1933 GATGATGAGC-----CCAGCCTTACACCGTGGCT 1962
 OY 1969 AAAGATACCAAAAAATCCGCGCAGTACAGATTTAAACTCAAAAGCTAAAAAGCT 2028
 Db 1993 AAAGATACCAAAAAATCCGCGCAGTACAGATTTAAACTCAAAAGCTAAAAAGCT 2052
 OY 2029 CTAACGTTGCTAACCAAAAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2088
 Db 2053 CTAACGTTGCTAACCAAAAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2112

Qy	2089	CTGACCAATTGGCAAAAGCACCCCTTAAGACAGATGGCTTGACCTGTTAAGATACCAACGAA	2148
Db	2113	GAAAGCGGTGACAGTGTCTCTACCAACGCTTTTAAGTCCAAAACGGGTGATTAATACCAACAC	2172
Qy	2149	CAATCCAAATCGTGTCTTAATGGCAATTAAATTCTATGTGAATGGATTAATCCAGGT	2208
Db	2173	GCCATCAACGGTGGGTAAAGATACAAAGCGCAAGACCTTCAACACCTTAAACATCAAGGT	2232
Qy	2209	ACTGGCATTTGCCAAATCCCGCTGGCATTA--CGAGATAAATTTGGCTTGTGCTGTTCT	2265
Db	2233	GAAAGCGGTGTTAATATTATACGACCAATAGAGCCACAGGTATACGTTACCTTTGGCATTTGAC	2292
Qy	2286	GATGTGTGCAATGTATAC-----AAACAACCTTATCTTGCATCAACAGCAAGCTA--CAA	2316
Db	2293	CAAAAGTAATGTCTGCACACGCCCTAAGCTGACCGGTGGTACCGATACAAATTTGGTAATCCGA	2352
Qy	2317	GTTTGGCAATGTTAAGATTACCAACACTGTGCATTAAACGAGGTGGTAAAGCATACAGAGG	2376
Db	2353	TTTGGTTATTAGCAAGTCCCTAGCGGTGACGGTATACACCAAAAACATCATTTAAAGGA	2412
Qy	2377	CTGTCCCAACACTGCCCTAGCATTTGCCGATCAAAGTACCGGCACATATGAACCTGGGCAAT	2436
Db	2413	TTGTGCCCAACACTGTGCTAGCATTTGCCACTCCAAAGTGGCCCAACATAGCATCGTGGCAAT	2472
Qy	2437	ACATTCAGACCAAGCAAAAGCAAAATCCAGCGTGCACAGCTTAATATGATTAATATACAGCG	2496
Db	2473	ACAAATCGAAGAAAAGACAAATCCAAACGCTGCACAGCATTTGATGATGTGCTAAATGACAGCG	2532
Qy	2497	TTTAAACCTAAAAATTAATTAACACACCCCATTTGCTCTGCACCTATAGACATTTGTTGAC	2556
Db	2533	TTTAAACCTAAAAATTAATTAATGACAAAGCAAAAGACTTGTCTCCACTTAATAGACACTGTTGAC	2592
Qy	2557	TTTGGCATGTGCATGTGCACACCGGCACAGTAACCCATATGATACCGCTAACCAAAACCGT	2616
Db	2593	TTTATCATGTGGCATGTGCACACCGGCACAGTAAGTATAGATGAAGCCAAATCAAAACCGT	2652
Qy	2617	AAAGTGATATGATGTGAATTTGGATGATACACCATTTCACTTAACGAGCACTGATGAC	2676
Db	2653	AAAGGCGGTATGATGTGAATTTGGATGTGAAGAAAACCATTTGAACCTACAGCGGATTAATGCG	2712
Qy	2677	AATAAAAAAGTTGGCGTCAAAACACACAAACCTGAACAAACAAAGTGCTAAATGATTAATACA	2736
Db	2713	AGAACAACAATTTGGCGTCMAAACCATTCAGCCGAACAAGTACTAATGATGTAATGCA	2772
Qy	2737	GCAACTAATTTAATGTTAACTAGTAACTAGTGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATC	2796
Db	2773	AC-----TACATTTAGTACGAGAGATGACATGACCTTGTTTAAAGCCAGATATTC	2823
Qy	2797	GCCGAAATCTTAACACCCCTAAGCCAAAGAAATTCACACACCAAGCAAGGCAACAGACACAC	2856
Db	2824	GCCGGCAATCTTAACACCCCTAAGCCGAGAAATTCACACCAAGCAAGGCAAGCAAGCAACAC	2883
Qy	2857	GCCCTACAAACCTTTACCGTTAAAAAAGATAGTAAATTAATTAATGCTGATGACGCCAAC	2916
Db	2884	GCCCTACAAACCTTTACCGTTAAAAAAGATAGTAAATTAATTAATGCTGATGACGCCAAC	2943
Qy	2917	GCCATCACCCTGGTCAAAAACACGCAATATATCAAGTACAACACCTTAACATCTCAAGCT	2976
Db	2944	GCCATCACCCTGGTGGTAAAGATAGGCAAGGTGTAAGTCAACACCTTAATTAACCTCAAGGT	3003
Qy	2977	GAAACAGGCTTAATTAATTAACAGCAAAAATGTAACGGTTACCTTTTGGCATTAACAC	3036
Db	3004	AAAAAGGCTTGTGATTTAAACCGCAAAAGATGTAGGGTATCTTTTGGCATTAACAC	3063
Qy	3037	ACAACGGCTTTAAAGCCGGCAAAAGCAC--CTAAACGAGGTGGCTTGTCTATTAA	3093
Db	3064	CAAAAGGCTTTAAAGCCGGGACAGACCACTCTAAACAAACATAGGCTTGTCTATTAA	3123
Qy	3094	AACCCCACTGTGAGGAACAAATCCAAAGTGGTCTGATAGGCTGGAAGTTTGCACAAAGGT	3153
Db	3124	AATCCCGTGTGTAGCAACAAATTCCAATCGTGGTGTGCTGATAGGCTGGAAGTTTGCATGGT-	3188

QY	3154	AATAAATAATGTTGGTTGAGTGCCTGGCAATTGATGGCACAACTGCCATTCACCAAGAAATGAA	3213
Db	3183	--TAAATATGTTGTGTAGTGTCTGGCAATTGATGGCACAACTGCCATTCACCAAGATGAA	3240
QY	3214	ATTGGCTTTACTGGGACCTAATGSGCTACCTGTGATTAAGCAAAACCCCACTTAACCAAGAC	3273
Db	3241	ATTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTTACTTGATTAAGCAAAACCCCACTTAACCAAGAC	3300
QY	3274	GGCATTTAACCCAGGTGGTAAAAAGATTACCAATTCAGTGGAGATTGCCCAAAAC	3333
Db	3301	GGCATTTAACCCAGGTGGTAAAAAGATTACCAATTCAGTGGAGATTGGCAAAAAC	3360
QY	3334	AGCCATATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTTTGATTTAAAAACCGAATCTTAAAAACAA	3393
Db	3361	AGCCATATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTTTGATTTAAAAACCGAATCTTAAAAACAA	3420
QY	3394	ATCAGCAGTACTGTGCAAAACAGCACAAAACCTATTACAGAAATTCAGTAGCAGATGA	3453
Db	3421	ATCAGCAGTACTGTGCAAAACAGCACAAAACCTATTACAGAAATTCAGTAGCAGATGA	3480
QY	3454	CAAGGTAAATTAATCTTACGGTTACTTAACCGTTCCTGCTACATTAATGACCTGAAAGACCTG	3513
Db	3481	CAAGGTAAATTAATCTTACGGTTACTTAACCGTTCCTGCTACATTAATGACCTGAAAGACCTG	3540
QY	3514	GATGTCATCACCTTTGCAGGTGAAAAAGGCAATTTACACCAAGGTAAATAAGGTGTGGT	3573
Db	3541	GATGTCATCACCTTTGCAGGTGAAAAAGGCAATTTACACCAAGGTAAATAAGGTGTGGT	3600
QY	3574	CGTGTGGCAATTGACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGCCCTAAGCCGACCGTGGGTAAATAT	3633
Db	3601	CGTGTGGCAATTGACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGCCCTAAGCCGACCGTGGGTAAATAT	3660
QY	3634	AATGSCAAAGCAATTCATTCATTTGACACGCAAAATGTGTCAAAATATCCATCACAGCACTAAGC	3693
Db	3661	AATGSCAAAGCAATTCATTCATTTAAGCAAAATGTGTCAAAATATCCATCACAGCACTAAGC	3720
QY	3694	AACACTTAAGCTAATGTTTACCATGATTAAGGTAGGCTGCGACACAGCAAGACAGGCAAT	3753
Db	3721	AACACTTAAGCTAATGTTTACCATGATTAAGGTAGGCTGCGACACAGCAAGACAGGCAAT	3780
QY	3754	ATATATCAAAAGACGAAGCAAAACCCGCGCGCCAGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGC	3813
Db	3781	ATATATCAAAAGACGAAGCAAAACCCGCGCGCCAGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGC	3840
QY	3814	TTTAACTTGCAGAGCAATGTTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATAGACACCGCTAAC	3873
Db	3841	TTTAACTTGCAGAGCAATGTTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATAGACACCGCTAAC	3900
QY	3874	TTTGGCGATGGCAATAGCCACACCGCTTAAGGTACCTATGATGTAGACACAAGCAAAACCGCT	3933
Db	3901	TTTGGCGATGGCAATAGCCACACCGCTTAAGGTACCTATGATGTAGACACAAGCAAAACCGCT	3960
QY	3934	AAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGATGATACACAATTGAAGTTAAAGATTAATAAAACTT	3993
Db	3961	AAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGATGATACACAATTGAAGTTAAAGATTAATAAAACTT	4020
QY	3994	GGCGTAAAAACCAACCAATTTGACAGTACTGCGACAGGTCTAATAATTTTGCCTTAAGC	4053
Db	4021	GGCGTAAAAACCAACCAATTTGACAGTACTGCGACAGGTCTAATAATTTTGCCTTAAGC	4080
QY	4054	AATCAGCACTACTGGCGATGCGCTTGTCAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATCTAATAACAC	4113
Db	4081	AATCAGCACTACTGGCGATGCGCTTGTCAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATCTAATAACAC	4140
QY	4114	TTATCTGGCGACATCCAAACCTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCAAAACCTCAGACAGGCTAT	4177
Db	4141	TTATCTGGCGACATCCAAACCTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCAAAACCTCAGACAGGCTAT	4200
QY	4174	GTTGATGCTGATGCGCAATTAAGGTCTATCTATACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCC	4233
Db	4201	GTTGATGCTGATGCGCAATTAAGGTCTATCTATACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCC	4266
QY	4234	AAAAATGATGGCACAAGTTGATTAACCAAAAGAAAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCCGCCAA	4299

|||||
Db 4261 AAAATGATGCGACAGTTGATATAAAACCAAGAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCGCCAA 4320
OY 4294 GCCCAAAACCCAGATGGACATTTGGCTCAATGAATGATTCAAATCATCTATTACAAAGAA 4353
Db 4321 GCCCAAAACCCAGATGGACATTTGGCTCAATGAATGATTCAAATCATCTATTACAAAGAA 4380
OY 4354 CAAGTAATGATGCGCAATATAAAGCAAGCATCAATGAAGCAACGCCCTTGTGTAAAGA 4413
Db 4381 CAAGTAATGATGCGCAATATAAAGCAAGCATCAATGAAGCAACGCCCTTGTGTAAAGA 4440
OY 4414 CTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACAAAACGCCGAGTAACCTGGGTGATTTA 4473
Db 4441 CTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACAAAACGCCGAGTAACCTGGGTGATTTA 4500
OY 4474 AATGCGGTGGCCCAACACCCGCTGACCTTTGACGGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAA 4533
Db 4501 AATGCGGTGGCCCAACACCCGCTGACCTTTGACGGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAA 4560
OY 4534 CTGGGCGAGACTTTGACCATCAAAAGGTGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATAT 4593
Db 4561 CTGGGCGAGACTTTGACCATCAAAAGGTGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATAT 4620
OY 4594 AACATCGGTGTGAGACAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAAACTTGCCTAAAGACCTAAC 4653
Db 4621 AACATCGGTGTGAGACAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAAACTTGCCTAAAGACCTAAC 4680
OY 4654 AATCTTAACACGCTTAATGACAGGTGGCAACAAATTAATGACAAAGCGCTCTTTGTA 4713
Db 4681 AATCTTAACACGCTTAATGACAGGTGGCAACAAATTAATGACAAAGCGCTCTTTGTA 4740
OY 4714 GACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGCTAAGTGCCTAATGGGGTGGACCTG 4773
Db 4741 GACGCAAAACGCTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGCTAAGTGCCTAATGGGGTGGACCTG 4800
OY 4774 GGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCGACGCTCCCAATGA 4833
Db 4801 GGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCGACGCTCCCAATGA 4860
OY 4834 CAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTGTGGGTCTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCT 4893
Db 4861 CAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTGTGGGTCTGTGTAATGATTAACGCT 4911
OY 4894 GACGCAATCAGTAATCAATGATGGCAGATCAAAAAGAACCCAAATTCAGTTCATCATCT 4953
Db 4912 GACGCAATCAGTAATCAATGATGGCAGATCAAAAAGAACCCAAATTCAGTTCATCATCT 4971
OY 4954 AACCGCACTGTATCAAAAGCAGGACGCTACTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGGA 5013
Db 4972 AACCGCACTGTATCAAAAGCAGGACGCTACTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGGA 5031
OY 5014 AAATCTGCACTGTGATATCAAGTGGGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTTAACGGCGAT 5073
Db 5032 AAATCTGCACTGTGATATCAAGTGGGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTTAACGGCGAT 5091
OY 5074 TTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTGCACAT 5133
Db 5092 TTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTGCACAT 5151
OY 5134 TATAAGCGCGAGGTCAAGCAACTATTATTGACCAACACCCCGCAGAAAGCCATTGACAGA 5193
Db 5152 TATAAGCGCGAGGTCAAGCAACTATTATTGACCAACACCCCGCAGAAAGCCATTGACAGA 5211
OY 5194 ATAATGACAAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCGCTGTGGTA 5253
Db 5212 ATAATGACAAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCGCTGTGGTA 5271
OY 5254 CAAGGCGCTAAGCGCATGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGCGCATAGTTTTC 5313
Db 5272 CAAGGCGCTAAGCGCATGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGCGCATAGTTTTC 5331
OY 5314 CAGGCGCAAGGAGATGTGAAGCCGCGCTTGCATTAAGCAGCAAAACCCAAAGCAGCAAC 5373
|||||

Db 5332 CAGGCGCAAGGAGATGTGTAAGCCGCCGTTGCCATTAAGCAGCAAAACCCAAAGCAGCAAC 5391
OY 5374 CAATCCATTCGCCATGGGTGATTAAGCCACAAAGCAGGGGATTCATTCATTCGCTTCGCT 5433
Db 5392 CAATCCATTCGCCATGGGTGATTAAGCCACAAAGCAGGGGATTCATTCATTCGCTTCGCT 5451
OY 5434 ACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCACTGTGGTCATGGGACCCCAAGCACTGTAAAG 5493
Db 5452 ACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCACTGTGGTCATGGGACCCCAAGCACTGTAAAG 5511
OY 5494 GCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCACTCAACCGAT 5553
Db 5512 GCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCACTCAACCGAT 5571
OY 5554 GTCTTTGGTGGGCAATTAACATCAACCCGACCGAAGTAATCTGCTGCTTAGTTCA 5613
Db 5572 GTCTTTGGTGGGCAATTAACATCAACCCGACCGAAGTAATCTGCTGCTTAGTTCA 5631
OY 5614 AACTCTGCATCAGTGCAGAGCACACACCGGACGACACAAGCCAAAATCTGACGACACA 5673
Db 5632 AACTCTGCATCAGTGCAGAGCACACACCGGACGACACAAGCCAAAATCTGACGACACA 5691
OY 5674 GCAGGTAAACACCAACACAGCAGGTGCACACCGGTACGGTTAAAGGCTTGTGACAAACG 5733
Db 5692 GCAGGTAAACACCAACACAGCAGGTGCACACCGGTACGGTTAAAGGCTTGTGACAAACG 5751
OY 5734 GCGGTTGGTGGCGGTCTCGGTGGGTGCTGAGTGTGAACGCCGCTATCCAAATGTGGGA 5793
Db 5752 GCGGTTGGTGGCGGTCTCGGTGGGTGCTGAGTGTGAACGCCGCTATCCAAATGTGGGA 5811
OY 5794 GCAGGTAGAGTCAAGTGCACACACCGATGGGTCATAGTACGAGTTGTAACAAAGCC 5853
Db 5812 GCAGGTAGAGTCAAGTGCACACACCGATGGGTCATAGTACGAGTTGTAACAAAGCC 5871
OY 5854 ACCCAAGCATTTGCCAACCAACCAATGAGTTGACATGATATCCACCAACCAAGCAAT 5913
Db 5872 ACCCAAGCATTTGCCAACCAACCAATGAGTTGACATGATATCCACCAACCAAGCAAT 5931
OY 5914 AAGGCCAATGCAGGATTTGATCAGAGTGGGATGGGTCATGCAACCAAGCTACAT 5973
Db 5932 AAGGCCAATGCAGGATTTGATCAGAGTGGGATGGGTCATGCAACCAAGCTACAT 5991
OY 5974 CTTGGCAGATCCATGATGTCGGGGTATTTGCCACCAACAGGTCAAGGTGCGTGGA 6033
Db 5992 CTTGGCAGATCCATGATGTCGGGGTATTTGCCACCAACAGGTCAAGGTGCGTGGA 6051
OY 6034 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGATTAATGATGATTTAAATCAATGCTTACGCC 6093
Db 6052 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGATTAATGATGATTTAAATCAATGCTTACGCC 6111
OY 6094 GATACCCAAAGGCAATGAGGCGGCGAGTTGTGCAAGTTCACCTT 6141
Db 6112 GATACCCAAAGGCAATGAGGCGGCGAGTTGTGCAAGTTCACCTT 6159

RESULT 9
AY077637 6282 bp DNA linear BCT 28-JUL-2002
DEFINITION Moraxella catarrhalis strain O35E hemagglutinin (hag) gene,
complete cds.
ACCESSION AY077637
VERSION AY077637.1 GI:22000943
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Moraxella catarrhalis.
Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6282)
AUTHORS Hansen, E.J., Lafontaine, E.R., Wagner, N.J., St Geme, J.W. III and
Pearson, M.M. Moraxella catarrhalis Strain O35E Is Deficient in
Hemagglutination, Autoagglutination, and Immunoglobulin D-Binding
Activities

JOURNAL
PUBLISHED
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL

infect. Immun. 70 (8), 4523-4533 (2002)

12117964

2 (bases 1 to 6282)

Pearson, M.M., LaFontaine, E.R., Wagner, N.J. and Hansen, E.J

Direct Submission

Submitted (29-JAN-2002) Microbiology, University of Texas

at Dallas (4942) Dallas, 75231-1223, University of Texas at Dallas

OY	3364	TATGATTTAAAAACCGACACTTGGAAAA	CAAAATCAGCAGTACTGCGCAAAACAGCAAAAC	3423
Db	3383	TATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAATAAT	TAAATCAGCAGTACTGTAATAACAGCAAAAC	3442
OY	3424	TCATATTACAGCAATTTCTCAGTACGAC	AGATGAAACAAGGTAAATTAACCTTAGGTAA	3483
Db	3443	TCATATTACCAAAATTTCTCAGTACGAC	AGATGAAACAAGGTAAATTAACCTTAGGTAA	3502
OY	3484	TATCCACGTTATGACACCTCAAGACCT	CTGATGTATCACCCTTGGCAGGTGAACAGC	3543
Db	3503	TATCCACGTTATGACACCTCAAGACCT	CTGATGTATCACCCTTGGCAGGTGAACAGC	3562
OY	3544	ATTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTG	TCGTGTGGCATTGACCAACCAAGGCTTA	3603
Db	3563	ATTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTG	TCGTGTGGCATTGACCAACCAAGGCTTA	3622
OY	3604	ACCAACGCTTAAGCGACCCGGGGTAA	TAAATGGCAAGGATTTGTCATTGACAGCAA	3663
Db	3623	ACCAACGCTTAAGCGACCCGGGGTAA	TAAATGGCAAGGATTTGTCATTGACAGCAA	3682
OY	3664	AATGGTCAAAATACCATCACAGGACT	TAAGCAACACTCTAGTAAATGTTACCAATGATAA	3723
Db	3683	GATGGTCAAAATACCATCACAGGACT	TAAGCAACACTCTAGTAAATGTTACCAATGATAA	3738
OY	3724	GGTAGCGTACGCACACAGAACAGGCA	TATATTAAGACGAAAGCAAAACCCGTCGC	3783
Db	3739	- -TGTCGACGACACGCACTTAAGCA	AGGCGTTGGCGATTAACACCGACAAACCCGTCCT	3796
OY	3784	GCGACGATTTGTATGTGTGCTAAGG	CGCGTTAACTTGCACAGCATGTTGTAACCGGTT	3843
Db	3797	GCGACGATTTGTATGTGTGCTAAGG	CGCGTTAACTTGCACAGCATGTTGTAACCGGTT	3856
OY	3844	GACTTTGTCTCACTTATGACACCCG	TCACTTCCGATGGCAATGCCACCCGCTAAG	3903
Db	3857	GACTTTGTCTCACTTATGACACCCG	TCACTTCCGATGGCAATGCCACCCGCTAAG	3916
OY	3904	GTCACCTATGATGACACAAGAAAC	CCAGTAAAGTGGTATGATGATGATGATGAT	3963
Db	3917	GTCACCTATGATGACACAAGAAAC	CCAGTAAAGTGGTATGATGATGATGATGAT	3976
OY	3964	ACAACATTTGAAGTTAA - -GAT	TAATAAACTTGGGTAATAAACCAACCATTTGACAGT	4020
Db	3977	AAAACCTTTGAAGTTGAAGGCGAT	AAAAAACTTGGGTAATAAACCAACCATTTGACAGT	4036
OY	4021	ACTGGCACAGTGCTAATAATTTG	CCCTTAAGCAATCAAGCTCTGGCGATCGCGTGTGC	4080
Db	4037	ACTGGCACAGTGCTAATAATTTG	CCCTTAAGCAATCAAGCTCTGGCGATCGCGTGTGC	4096
OY	4081	AAGGCACGTGATATCGTTGTCAT	CTTAACACCTTATCTGGCACAATCCAAATGCGCAA	4140
Db	4097	AAGGCACGTGATATCGTTGTCAT	CTTAACACCTTATCTGGCACAATCCAAATGCGCAA	4156
OY	4141	GGGGCAAGCCCAAGCAACACTCAG	CAGCGTATGTGATCTGATGGCAATTAAGTCAATC	4200
Db	4157	GGGGCAAGCCCAAGCAACACTCAG	CAGCGTATGTGATCTGATGGCAATTAAGTCAATC	4216
OY	4201	TATGACATTAACGATTAACAATTA	CTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTATAAAC	4260
Db	4217	TATGACATTAACGATTAACAATTA	CTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTATAAAC	4276
OY	4261	AAAGAAAGTTGGCAAAAGCAAACT	GGTGGCCCAAGCCCAAAACCCAGATGGCACATTTGGCT	4320
Db	4277	AAAGAAAGTTGGCAAAAGCAAACT	GGTGGCCCAAGCCCAAAACCCAGATGGCACATTTGGCT	4336
OY	4321	CAAAATGAATGTCAAATTCAGTCA	TATTAACAAGACAAGTAAATGTATGTCATTAATAAGCAA	4380
Db	4337	CAAAATGAATGTCAAATTCAGTCA	TATTAACAAGACAAGTAAATGTATGTCATTAATAAGCAA	4396
OY	4381	GGCATTCATGAAGACAAGCGCTT	GTGTTTAAGAGACTTTGAAAAAGCGGCTTGTGATTAACAA	4441
Db	4397	GGCATTCATGAAGACAAGCGCTT	GTGTTTAAGAGACTTTGAAAAAGCGGCTTGTGATTAACAA	4455

Qy	4441	ACCAAAAGCCCGCAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCGTGGCCCAAAACACCGCTGACC	4500
Db	4457	ACCAAAAGCCCGCAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCGTGGCCCAAAACACCGCTGACC	4516
Qy	4501	TTTGGCAGGGGATACAGGCGCAACACGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTTGACATCAAAAGT	4560
Db	4517	TTTTGCAGGGGATACAGGCGCAACACGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTTGACATCAAAAGT	4576
Qy	4561	GGGCAACAGACACCAATAGCTAACCGATTAATACATGCTGGTGTAGCAAGTACTGAT	4620
Db	4577	GGGCAACAGACACCAATAGCTTAACCGATTAATACATGCTGGTGTAGCAAGTACTGAT	4636
Qy	4621	GGCTTCACGTCAAACTTCCCAAGACCTAACCAATCTTAACAGCTTAATCAGGTGAC	4680
Db	4637	GGCTTCACGTCAAACTTCCCAAGACCTAACCAATCTTAACAGCTTAATCAGGTGAT	4696
Qy	4681	ACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4740
Db	4697	ACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4756
Qy	4741	ACCCCTGTGCTAGTGCCTAATGGGCTGGACACCTGGGCGGAAGGTCACTGATATGTGGGC	4800
Db	4757	ACCCCTGTGCTAGTGCCTAATGGGCTGGACACCTGGGCGGAAGGTCACTGATATGTGGGT	4816
Qy	4801	AAAGCACAACAAATATCCACAGCTGCATGTACAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTG	4860
Db	4817	AAAGCACAACAAATATCCACAGCTGCATGTACAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTG	4876
Qy	4861	TTGGGTCTTGTGTATGCTGTGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTTGGCGAC	4920
Db	4877	TTGGGTCTTGTGTATGCTGTGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTTGGCGAC	4936
Qy	4921	ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTGTATCATCTTAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGGACAG	4980
Db	4937	ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTGTATCATCTTAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGGACAG	4996
Qy	4981	GTACTTGGCGGTAAAGSTAATAACGATACCGAAAACCTTGCCACTGGTGGTATACAAAGT	5040
Db	4997	GTACTTGGCGGTAAAGSTAATAACGATACCGAAAACCTTGCCACTGGTGGTATACAAAGT	5056
Qy	5041	GGGCTGGATTAAGACGGCAACGGTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA	5100
Db	5057	GGGCTGGATTAAGACGGCAACGGTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA	5116
Qy	5101	AAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGTCTGCCACTTAATAGCCGCGAGCTCAGACCACTAT	5160
Db	5117	AAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGTCTGCCACTTAATAGCCGCGAGCTCAGACCACTAT	5176
Qy	5161	TTGACCAACAACCCCGAGAAAGCATTTGACAGATAAATAACAAAGTATCCGCTTCTTC	5220
Db	5177	TTGACCAACAACCCCGAGAAAGCATTTGACAGATAAATAACAAAGTATCCGCTTCTTC	5236
Qy	5221	CATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGCGTAAACGGCATTTGACTCAGT	5280
Db	5237	CATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGCGTAAACGGCATTTGACTCAGT	5296
Qy	5281	GCCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGCATAGGTTTCCAGGCGCAAGGATGGTGAAGCCGCC	5340
Db	5297	GCCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGCATAGGTTTCCAGGCGCAAGGATGGTGAAGCCGCC	5356
Qy	5341	GTTGSCATTAGCACAACCAACCAAGCAGGCAACCAATCCATCGCCATCGGTGATTAACGCA	5400
Db	5357	GTTGSCATTAGCACAACCAACCAAGCAGGCAACCAATCCATCGCCATCGGTGATTAACGCA	5416
Qy	5401	CAAGCCACGGGCGATCAATCCATCGGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGATTAACGAC	5460
Db	5417	CAAGCCACGGGCGATCAATCCATCGGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGATTAACGAC	5476
Qy	5461	TTCTGGTGCATTCGGCGACCCCAAGCACTGTTTAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGGTAAT	5520
Db	5477	TTCTGGTGCATTCGGCGACCCCAAGCACTGTTTAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGGTAAT	5536
Qy	5521	AACCAACAGTTTACCAGATGCCACTCAAAACGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC	5580

Db	5537	AACAACGCGTTTACCGATGCCACCTCAAAOCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC	5596
Qy	5581	GTGACCCGAAGTAACTCGGTTGCGCTTAGTTCAAACTCTGCCATATAGTCAGGACACAC	5640
Db	5597	GTGACCGGAAGTAACTCGGTTGCGCTTAGTTCAAACTCTGCCATATAGTCAGGACACAC	5656
Qy	5641	GCAGGACACAAAGCCAAAATAATCTAGCGGCACAGAGGTATCAACACCAACAGCAGGTGA	5700
Db	5657	GCAGGACACAAAGCCAAAATAATCTAGCGGCACAGAGGTATCAACACCAACAGCAGGTGC	5716
Qy	5701	ACCGGTACGGTTAAAGCGTTTGCTGGACAAACGCGGTTGTGCGGTCTCCGTGGGTGC	5760
Db	5717	ACAGGTACGGTTAAAGCGTTTGCTGGACAAACGCGGTTGTGCGGTCTCCGTGGGTGC	5776
Qy	5761	TCAGGTGCTGAACGCCGCTATCCAAAATGTGGCAGCAGTGAAGTGTAGTGCCACACGACCC	5820
Db	5777	TCAGGTGCTGAACGCCGCTATCCAAAATGTGGCAGCAGTGAAGTGTAGTGCCACACGACCC	5836
Qy	5821	GATGCGGTCATGTGTAGCCAGTTGTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACACCAAT	5880
Db	5837	GATGCGGTCATGTGTAGCCAGTTGTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACACCAAT	5896
Qy	5881	GAGCTTGACCATCGTATCTCACCACAAAACGAAAATAAGGCCATATGCAAGGATTTTCATCAGC	5940
Db	5897	GAGCTTGACCATCGTATCTCACCACAAAACGAAAATAAGGCCATATGCAAGGATTTTCATCAGC	5956
Qy	5941	ATGGCGATGGCGTCCATGCCACACAAAGCTCAATCTCTGCGACATCCATGTTACCGGGGT	6000
Db	5957	ATGGCGATGGCGTCCATGCCACACAAAGCTCAATCTCTGCGACATCCATGTTACCGGGGT	6016
Qy	6001	ATTGCCACCCACACAGGTCACAGGTCCGGTGGCAGTGGGACTGTGCAAGCTGTGGATTAAT	6060
Db	6017	ATTGCCACCCACACAGGTCACAGGTCCGGTGGCAGTGGGACTGTGCAAGCTGTGGATTAAT	6076
Qy	6061	GGTCATATCGATTTAAATCAATGATTGTTACAGCCGATACCCAAAGGCATGTAGGCGGCA	6120
Db	6077	GGTCATATCGATTTAAATCAATGATTGTTACAGCCGATACCCAAAGGCATGTAGGCGGCA	6136
Qy	6121	GTGTGTCAGGTTTTTCACCTT 6141	
Db	6137	GTGTGTCAGGTTTTTCACCTT 6157	
RESULT 10			
LOCUS	AX067457	62909 bp	DNA linear PAT 24-JAN-2001
DEFINITION	Sequence 32 from Patent WO0078968.		
ACCESSION	AX067457		
VERSION	AX067457.1	GI:12545077	
KEYWORDS			
SOURCE	Moraxella catarrhalis.		
ORGANISM	Moraxella catarrhalis Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae; Moraxella.		
REFERENCE	1 (bases 1 to 62909)		
AUTHORS	Lagace,R.E., Patterson,C. and Berg,R.L.		
TITLE	Nucleotide sequences of moraxella catarrhalis genome		
JOURNAL	Patent: WO 0078968-A 32 28-DEC-2000;		
FEATURES	Incyle Genomics, Inc. (US)		
source	Location/Qualifiers		
	1..62909		
	/organism="Moraxella catarrhalis"		
	/db_xref="taxon:480"		
BASE COUNT	18449 a	13798 c	12744 g 17918 t
ORIGIN			
Query Match	64.7%;	Score 3973.4;	DB 6; Length 62909;
Best Local Similarity	81.7%;	Pred. No. 0;	
Matches 5055;	Conservative 0;	Mismatches 801;	Indels 331; Gaps 27;
1	ATGAATCAGATCTATAAGTATCTTTTAACAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGGCA	60	

Dd	42630	ATGAATTCATCATTTATTAAGTCATCTTTTAAACAAGCCACAGGCCACATTTATGGCCGTGGCG	42683
Qy	61	GAGTAGCCCAATTCGCCACAGCACGGGGGGGG--TAGCTGCTACAGGCCAAGTTGGCAG	119
Dd	42690	GAAATATGCCAAATCCACACAGCACGGGGGGGATAGCTGTGTACAGGCCAAGTTGGCAG	42749
Qy	120	TGTATGACACTGACACTTGGCCCGTATTTGCCCGCTGCTGTCCTGCTATGCGGTGCAC	179
Dd	42750	TGTATGACACTGACACTTGGCCCGTATTTGCCCGCTGCTGTCCTGCTATGCGGTGCAC	42809
Qy	180	GCTCAGTGGCAGTGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAACTATGCGCAATTGGTGAACA	239
Dd	42810	GCTCAGTGGCAGTGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAACTATGCGCAATTGGTGAACA	42854
Qy	240	AAACACGCCAACAACGCTCAGCAGCTGCCAAGGCGGAGCGGTGATTCAGCCATGTGATTTGG	299
Dd	42855	AAACAA---CAACTCAAAAAGGCGATGCGGAGCGACAGGATATCAATCGTGTCTTTGG	42911
Qy	300	TCAAAATGCTAACGCACACAGGCGGTGCACAGCCATCGCATCGGTAGTATTAATAACTGT	359
Dd	42912	TCAAAAGCTGTTCGAAGTGGCAGTCAACGCCATCGCATCGGTAGTATTAATAACTGT	42965
Qy	360	CATGAGACGACTTTGGATTAAGTATAGTATCCGATGCTACGGGTCAAGATTCATGGCCAT	419
Dd	42966	CAAAATCAAAATTAATTAAGTATTAAGTATCAAGTGTCCAAACCCAAAGGTGAAGATTCATGGCCAT	43025
Qy	420	CGGTGGTATGTAAAGGCTAGTATGATGATCCCTCGAATGCGCATCGGTAGTATGACTTACA	479
Dd	43026	CGGTGGTATGTATTTGGCTCAGAGGTCTCTCCCTCGAATGCGCATCGGTAGTATGACTTANA	43085
Qy	480	TTTGGCTGATCAGCATGTTATCTTAACATTCGGAAGGTACTCTGATTAACGATCTTAT	539
Dd	43086	TTT-----GGAGAGTAAAGGCTGTGTATCTCTCCAGAAAGATATTAATAAACTAT	43136
Qy	540	TAAAGGCCATCGAGATTTAAAGAAATACGAGACTCAAA---GGAATATGATGTAAATA	596
Dd	43137	TCAAAACACTTTCAGATTTAAACAGAAATACGAAACTGATTCGCATATGATATCAAAAAATA	43196
Qy	597	TAGAGCGCACACCGCAGACGGACAGCCAGTACTGCACTGGGAGCCATGTCAATGACACA	656
Dd	43197	TTTACACACAAAAGCACAAGGACAGCCGCTATTTGACAGTGGAGAACCATGTGCAAGCACA	43256
Qy	657	GGGTCAATTTTCCAAAGCGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGGCGCTATTTCCTTGGC	716
Dd	43257	GGGTCAATTTTCCAAAGCGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGGCAACATTTCTTTGGC	43316
Qy	717	AGTGGGTCTTGGCGCCACAGCCGAGGGCCCAATCTACAATCGCTATTGGTTCGATGCAAC	776
Dd	43317	AGTGGGTCTTACCGCCCAAGCCGACACAGAACTTCAATCGCTATTGGTTCGATGCAACA	43376
Qy	777	ATCTAGCTCGTTGGGAGCGATAGCCCTTGGTGTGACAGTACTGCTGCTCAAGTACAGGCGAG	836
Dd	43377	ACTATGCAAGTTTGGACGCAATGACCATTTGGTGTGAATACTCAATCTGCAATTTGGTGTGAGG	43436
Qy	837	TATTTGCCATGAGTCAAGGTCTGTTGTCCTCAGAGTGTATTAATTAATTTAGACCGGCTTA	896
Dd	43437	TGTTGCCCTAGTATTAATTTCTCAGATCTACTCTATGATTAATTAATCTAAATGAGACCTTA	43496
Qy	897	TACACCAATATCCACAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAA-----TAA	944
Dd	43497	TAAACCGAGCGGTGAAACCTTTACACAAGGATATGAAAGCCACCAAAAAGCGTACAGCCGAA	43556
Qy	945	TACGAAAGGCGGGTCCACTTTCATTTGATGTGTATGATCTATCAAAAGTAAATCATCAATGT	1004
Dd	43557	GAAATCAGTGGATTAATTTTCCATTTGGTATATGTCATCTCAACACGTAGATATCAATGAT	43616
Qy	1005	CGGTGACAGTGTTAATTAACACCGATGCGGTCAATGTGGCACAGCTAGAAAGCGGTGGTGA	1064
Dd	43617	CGGTGACAGTGTTAATTAACACCGATGCGGTCAATGTGGCACAGCTAGAAAGCGGTGGTGA	43676
Qy	1065	GTGGGTAAAGAGCGTAAATTAATTTTCAGGGTATATTAACAGTACTGACGTAAAAAT	1124
Dd	43677	GTGGGTAAAGAGCGTAAATTAATTTTCAGGGTATATTAACAGTACTGACGTAAAAAT	43733

QY	1125	AGGTTTGGATTAATCTTTAACTATTAAAGTG---	GTGCAAGACCAACGCATTACCGA	1181	
Db	43734	AGGTTTCCACAGAGAGTTAACTATTAAAGGGGGGAGCAAAATGCCGGTGAATTAACCGA		43793	
QY	1182	TAAATTAATTCGGTGCGTGAAGAAAGCGCGATAAT- --	GTGGCTGAAGATTAACCTTGC	1238	
Db	43794	CATTAACATTCGGTGTGGTAAAGATAATGATATGCTGGTGTCTGAAGATTAACCTTGC		43853	
QY	1239	TAAACCTTTAAACAATCTTACTGAGGTGAATCACTACATTAAATGCCACACACAGT		1288	
Db	43854	TAAAAATTTAACTGATCTTTGGAAGCGATTAAACGCAAAACCTTAACCGCGACAGGTGCAT		43913	
QY	1299	TAAAGTAGTGTAGTATAGTAC- --	TACAGCTGAATTTATGAGTGAATAGTTAACTT	1355	
Db	43914	CACCGTAAATATATATATAGTACTACCAATACGSGCTACATTTATTTGGCTGGTGTAACTGT		43973	
QY	1356	TACCCAGCCCAATACAGGCACTCAAGGCAAGCAAAACCGTTATGGCGTTAATGGGGT		1415	
Db	43974	TAAATATATTTCAT- --	ACAAACAATCCAAAGTCAAGTGGCT- --	ATGGCATTAATTTTAC	44027
QY	1416	GAAGTTTACTAATATATGCAAGAAACAACAGCAGCATTTGGGCACTACTGATTTACAGGA		1475	
Db	44028	TGATATGATATGGTGTGATACATCGCCCGATGACACCGCGCACTACTGATTTACAGGA		44087	
QY	1476	TAAATTTGGCTTTGCTCCAGATGCTGAATGTTGATATAAAACAGCACCATATTGGATTA		1535	
Db	44088	TACATTTGGCTTTGGCAAGAAAGGTGTATAGTTGATGCAATTCACATATTGGATTA		44147	
QY	1536	AAACACTTAAGTGGGTAGTGTGGTTCGCAATTTACATACCAATGGCATTTGATGCAAGTAA		1595	
Db	44148	CGCAAAAGCTAAAGATGGCAAAATTTGAATTAATTAAGCACTGGTATTAAAGAGTTAA		44207	
QY	1596	TAAAAAGATCACTAATCTTGGCCAAAGGTAGAGCTCTAACGATGGGCTTTACCATGACA		1655	
Db	44208	TCAAAAGATTAACCGGACTTACGATGGTGTGCAAGCATGGCATGGCTGTATACATTAACA		44267	
QY	1656	GCTCAAGCGCCAGAGCCTACTTTAAAGCGAGCGCTGGCATCACTGTACACCTACTGA		1715	
Db	44268	GCTCAAAAAGCGCAAGCCTAATTTAAACCCAGAGCAATGGCATTTGAGATTAAACAATAA		44327	
QY	1716	AA- --	TATCAGTTGATGCTAAAGAGTGGCAATTTACCGGCCCCCACTTCAACACTGGCGT	1772	
Db	44328	CAGTCTATTAGTTGATGCTGCTAAATGTATTTACCCGCCCATCTTATACATTTGGGGT		44387	
QY	1773	GAAAAACCCAGGCTTAACAGTGAATGGCACTAGTA- --	TAAATTTAGTTTAAAGGTAG	1829	
Db	44388	GAAAAACACACCTCTGACCAATAATATGGCCCTGTGATAGTAAATTTGGCTTTAAAGATAG		44447	
QY	1830	TGGTACG- --	AACATATGCTTAGTTTACCGCGCAACATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGT	1886	
Db	44448	TATATGCGATTAACAATAGCTTATGTTATACCGCCCAAAAGTTTGGGAGGCTATCTTAATGAAGT		44507	
QY	1887	CATATGAAACGGGTGACAGTCTCTCAAAAGCTTTTACCGTTTAAAGAAAGACAGATATGA		1946	
Db	44508	CATATGAAACGGGTGACAGTCTCTCAAAAGCTTTTACCGTTTAAAGGTGATGACAGCAAG		44567	
QY	1947	CGCCAAAGCTATCACCGGTGGCTTAAGATATGCAACAATAATGCCGGCGCAGTACGATCTT		2006	
Db	44568	CACAACACAGCATACGGCTGATTAATAACCGCAACAGTCTTAACCGTATGAGGCG- --		44619	
QY	2007	AAATCAACAAGTTAAAAAAGGCTTAAGGTTGCTACCAAAAAGATGGTATGAGTTTACCTT		2066	
Db	44620	---	GATAAGCGCATTAAGTGTTAATAAGGATACAACTCAGAAAAGATGCACGGT- --	44669	
QY	2067	TGGGCTTACGCAAGATAGCGGTCTGACCAATTTGGCAAAAGCACCTTAACACAGATGGCTT		2126	
Db	44670	---		44669	
QY	2127	GACTGTTAAAGATACCAAGCAAAATTCACAAGTGGTGTCTAATGGCATTTAATTACTTA		2186	
Db	44670	---		44669	

QY	2187	TGTGAATGTAAGTAATACAGAGTACTGGCAATTGCAATTAACCGCTGGCAATTACAGAGTTA	2246
Db	44670	-----TGGCAATTACCAACCCAAATGGCTTAACACAGCCTTA	44705
QY	2247	AATTGGCGTTGGTGGCTTCGTGATGGTGCATTTGATACAAACCAACCTTATCTGATCAGA	2306
Db	44706	GCTGACCGTGGGTAG-----	44722
QY	2307	CAGGCTACAGAGTTGGCAATGTTAAGATTCCAGACCTGGCATTTACCGAGGTGGTTAAGC	2366
Db	44721	CAATGTATAAACTCAATTCGTTTATTGAGCAAAATGGTTTCGGTATACGACACCAAAAAACAT	44780
QY	2367	CATCACAGGGGTGTGCCCCAACCACTGGCTAGCATTTGCCGA-----TCAAGTAGCCCAACAT	2423
Db	44781	CATCAAAAGGCTGTCTCCACCACTGATGACATTTACCAACAGATATATACACACACCAC	44844
QY	2424	AGAACTGGGCATTAACATCCAGACCAAGACAAATTCACACGCTGCCACATTAATGATAT	2483
Db	44841	AGAACAGACATATACGCCCCCAAGCAAG---AATTCACAGCTGGCAGTATCAAAAGATGT	44897
QY	2484	ATTAAATACAGGCTTTAACTTAAATAATATACAAACCCATGTGCTTTGCTCCACTTA	2543
Db	44898	GCTTAACGCAAGCTTTACTTGGTAAGGCATATGGCANGCCGTTGACTTTGTCTACTTA	44955
QY	2544	TGACATTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACACACCGCCACAGTATAC-----CATGA	2597
Db	44958	TGATACCGTCAACTTTTCCAAATGGCATGGACACACCTGCCACAGTACTCTTAATTATTA	4501
QY	2598	TACCGCTACAAACCAAGCTAAAGTGGTATATGATGAAATGGATGGATATACACATTCA	2657
Db	45018	TGAAGGCAACCAACACAGCACTGGCTGTATATGATGATGGATGGATATACACATTCA	4507
QY	2658	TCTAACAGGCACTGATATACAAATATAAAAACTTGGCGTCAAAAAACCAACCAATGAAACAAAC	2717
Db	45078	TCTGCAAAATATATATGAT	4513
QY	2718	AAGTCTAATGTAATACAGCACTAATCTTATATGTTAACTCTAGTGAATGAGTGGCT	2777
Db	45138	AAATGTGTCAAATGATGATATCACTAAATTTATGTGGCAAC-----AATGGCATGTGGCT	4519
QY	2778	TGTTAACCCCAAAACATATGCCCGCAAAATCTTAAACACCTTAGCCAAAGAAATTCACACC	2837
Db	45192	TGTTAACCCCAAAAGTATGTGGCGACATGTAAACATCTTAGCCGAGAAATTCACACCAC	4525
QY	2838	CAAAAGCACACACACACCGCCCTACAAACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAAATTA	2897
Db	45252	CAAAAGCACACACACACCGCCCTACAAACCTTTAAAGTCAAAAAGACGGGTGCAACCAA	4531
QY	2898	TAAATCTGATAGCCCAACAGCATACACCGGGGTCAAAAAGACGCAAAATATCAAGTCAA	2957
Db	45312	TGATATATG-----ACACCATCACCGTGGGT-----AAATATGGCGGTGA	4535
QY	2958	CACCGTAACTCAAAAGGTGAAACCGGTCTTAATTAATTAACCGACAAAAATGTAAGGT	3017
Db	45351	CACCGTAACTCAAAAGGTGAAACCGGTCTTAACCGGTCTTACCAAAAAAGATGTAAGGT	4541
QY	3018	TACCTTTGGCATTTACACACCAAGCGGTCTTAAAGCCGG---CAAAACACCGCTTAAACGA	3074
Db	45411	TACCTTTGGCATTTACACACCAAGCGGTCTTAAAGCGCGACCAACACCGCTCTTAACAA	4547
QY	3075	CGGTGGCTTGTCATTTAAAAACCCCACTGGTATAGCAGAACAAATCCAAAGTCGGTGTGATGG	3134
Db	45471	AGATGGCTTGTCATTTAAAAACCCCACTGGTATAGCAGAACAAATCCAAAGTCGGTGTGATGG	4553
QY	3135	CGTGAAGTTTCCCAAGGTTAATAATAATGTTGTTAGTGTGCTGGCATTTGATGGCACAC	3194
Db	45531	CGTGAAGTTTCCCAAGGTTAATAATAATGTTGTTAGTGTGCTGGCATTTGATGGCACAG	4559
QY	3195	TGCGCAATACAGAGATGAAATGGCTTTACTGGAGATTAATGGCTCACTGTATTAAGACAA	3254
Db	45591	CGTATACACCCAGATTAATAATGGCTTTGCTGGGGGTAAATGGCTCACTGTATTAACACCAA	4555
QY	3255	ACCCCACTTAAAGCAAGACGGCATTAACGAGGTGGTAAAAAGATATACCAACTTCAATC	3314

```
|||||
Db 45651 ACCCCACCTTAAGCAAGAGCGGATTACGACAGTGTAAAGATTTACCAACATTCATC 45710
OY 3315 AGGTAGATTGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCAAGATTTATGATTTAA 3374
Db 45711 AGGTAGATTGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCTCATATTATGATTTAA 45770
OY 3375 AACGACCTTGAAAACAAATCAGACGATCTGCAAAACAGACAAAACCTCATTCACGA 3434
Db 45771 AACGACCTTGAAAACAAATCAGACGATCTGCAAAACAGACAAAACCTCATTCACGA 45830
OY 3435 ATTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAATTAAGTTAGCTTAACCCCTTACTCCAGTTA 3494
Db 45831 ATTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAATTAAGTTAGCTTAACCCCTTACTCCAGTTA 45890
OY 3495 TGACACCTTCAAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTCAGAGTGAAAAAGCATTTACCA 3554
Db 45891 TGACACCTTCAAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTCAGAGTGAAAAAGCATTTACCA 45950
OY 3555 GGTAATATAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCTTGACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGCTTA 3614
Db 45951 GGTAATATAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCTTGACCAAAACCAAGGCTTAACCAAGCTTA 46010
OY 3615 GCTGACCGTGGTAAATTAATTAATGCAAAAGCATTTGTCATTTGACACCAAAATGTCAAA 3674
Db 46011 GCTGACCGTGGTAAATTAATTAATGCAAAAGCATTTGTCATTTGACACCAAAATGTCAAA 46070
OY 3675 TACCATTCACAGACTTACGACAACTCTAGCTATATGTACCAATGATTAAGTAGCTAGC 3734
Db 46071 TACCATTCACAGACTTACGACAACTCTAGCTATATGTACCAATGATTAAGTAGCTAGC 46124
OY 3735 CACCAACAAACAGGCGCAATATATCAAGACGAAGCAAAACCCGCGCCAGCATTTGT 3794
Db 46125 CACCAACAAACAGGCGCAATATATCAAGACGAAGCAAAACCCGCGCCAGCATTTGT 46184
OY 3795 TGATGCTGTAAGCGGAGGCTTTAACTTGCAGGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC 3854
Db 46185 TGATGCTGTAAGCGGAGGCTTTAACTTGCAGGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC 46244
OY 3855 CACTTATGACACCCGTCACCTTTGGCGATGGCAATGCCACACCGCTAAGTAGTACCTATGA 3914
Db 46245 CACTTATGACACCCGTCACCTTTGGCGATGGCAATGCCACACCGCTAAGTAGTACCTATGA 46304
OY 3915 TGACACGAAGCAAAACAGTAAGTGTGTATGATGTCATATGATGATGATGATGATGATGA 3974
Db 46305 TGACACGAAGCAAAACAGTAAGTGTGTATGATGTCATATGATGATGATGATGATGATGA 46364
OY 3975 AGTTAAAGATATAAAACCTTGGCGTAAAAACCAACACATTGACAGTACTGGCACAAGTGC 4034
Db 46365 AGTTAAAGATATAAAACCTTGGCGTAAAAACCAACACATTGACAGTACTGGCACAAGTGC 46424
OY 4035 TAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTTACTGGCGATGGCTGTGTCAAGGCCAGTATAT 4094
Db 46425 TAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTTACTGGCGATGGCTGTGTCAAGGCCAGTATAT 46484
OY 4095 CGTTGCTATCTTAACACCTTATCTGGGACATCCAAATGCAAGGGGCAAGGCCAAGC 4154
Db 46485 CGTTGCTATCTTAACACCTTATCTGGGACATCCAAATGCAAGGGGCAAGGCCAAGC 46544
OY 4155 GAACAACCTCAGCAGGCTATGTGATGTCGATGGAATAAGTGCATCTATGACAGTACGA 4214
Db 46545 GAACAACCTCAGCAGGCTATGTGATGTCGATGGAATAAGTGCATCTATGACAGTACGA 46604
OY 4215 TAACAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAA 4274
Db 46605 TAACAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAA 46664
OY 4275 AGACAACCTGTGTGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGCTCAATGAATGTCAA 4334
Db 46665 AGACAACCTGTGTGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGCTCAATGAATGTCAA 46724
OY 4335 ATCAGTCAATTAAACAAGAAACAAGTAATGATGCCAATAAAAAAGCAAGGCATCAATGAAGA 4394
|||||
|||||
Db 46725 ATCAGTCAATTAAACAAGAAACAAGTAATGATGCCAATAAAAAAGCAAGGCATCAATGAAGA 46784
OY 4395 CAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAACCCGCTTGTGATTAACAAAACCAAAACGCCGC 4454
Db 46785 CAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAACCCGCTTGTGATTAACAAAACCAAAACGCCGC 46844
OY 4455 AGTAACGTGTGGGTAAATTAATGCGGTGCGCAAAACAGCGGTGACCTTTGAGGGGATAC 4514
Db 46845 AGTAACGTGTGGGTAAATTAATGCGGTGCGCAAAACAGCGGTGACCTTTGAGGGGATAC 46904
OY 4515 AGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGAGAGACTTTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACAC 4574
Db 46905 AGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGAGAGACTTTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACAC 46964
OY 4575 CAATAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGCTTACTGTCAA 4634
Db 46965 CAATAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGCTTACTGTCAA 47024
OY 4635 ACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGCAAGGTGGCACCAAAATGATGA 4694
Db 47025 ACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGCAAGGTGGCACCAAAATGATGA 47084
OY 4695 CAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGCTAAG 4754
Db 47085 CAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGCTAAG 47144
OY 4755 TGCCATGTGGGTGAGCCTGGGTGGGCAAGTTCATAGTAATGTGGGCAAGGCAAAAGA 4814
Db 47145 TGCCATGTGGGTGAGCCTGGGTGGGCAAGTTCATAGTAATGTGGGCAAGGCAAAAGA 47204
OY 4815 TACCGACGCTGCCAATGTCAACAGTAAACAGTAAGCAAGTCAAGTGTGGCTTGTGTTAA 4874
Db 47205 TACCGACGCTGCCAATGTCAACAGTAAACAGTAAGCAAGTCAAGTGTGGCTTGTGTTAA 47264
OY 4875 TGCTGTAAATGATTAACGCTGACGGCAATGAGTAAACATTTGCCAGATCAAAAGACCC 4934
Db 47265 TGCTGTAAATGATTAACGCTGACGGCAATGAGTAAACATTTGCCAGATCAAAAGACCC 47324
OY 4935 AANTTCAGGTGATCATCTTAACCGCATCTGTCATCAAAAGGACGACGCTTGGCGGTAA 4994
Db 47325 AANTTCAGGTGATCATCTTAACCGCATCTGTCATCAAAAGGACGACGCTTGGCGGTAA 47384
OY 4995 AGGTAAATACGATTAACGGAAGAACTTGCACCTGGTGTATATCAAGTGGCGGTAAAGA 5054
Db 47385 AGGTAAATACGATTAACGGAAGAACTTGCACCTGGTGTATATCAAGTGGCGGTAAAGA 47444
OY 5055 CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCA 5114
Db 47445 CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCA 47504
OY 5115 AAAAGCCCTGTGCGCACCTTATTAAGCGCGCAGGTCAAGCAACTATTACCAACACCC 5174
Db 47505 AAAAGCCCTGTGCGCACCTTATTAAGCGCGCAGGTCAAGCAACTATTACCAACACCC 47564
OY 5175 CGCAGAACCATTTGACAGATTAATGAACAAGTATCCCTTCTTCATGTCACAGATG 5234
Db 47565 CGCAGAACCATTTGACAGATTAATGAACAAGTATCCCTTCTTCATGTCACAGATG 47624
OY 5235 CAATCAAGAGCCTGTGTCAAGGGCGTAAAGGCAATGTAAGTGAAGCGGCTTGCATAGGCA 5294
Db 47625 CAATCAAGAGCCTGTGTGTCAAGGGCGTAAAGGCAATGTAAGTGAAGCGGCTTGCATAGGCA 47684
OY 5295 CTCAGTGGCGATTAAGTTTCCAGGCCAAGGCAATGTTGAAGCGGCGGTGTCATAGGCA 5354
Db 47685 CTCAGTGGCGATTAAGTTTCCAGGCCAAGGCAATGTTGAAGCGGCGGTGTCATAGGCA 47744
OY 5355 ACAAAACCAAGAGGCAACCAATCCATCCGTCGCTGAATACGCAAGGCCAGGCGCA 5414
Db 47745 ACAAAACCAAGAGGCAACCAATCCATCCGTCGCTGAATACGCAAGGCCAGGCGCA 47804
OY 5415 TCAATTCATGCGCATGCTAGCAGGCAATGCTGTAGCAGGTAAGCACTGTGTGCCATYGG 5474
Db 47805 TCAATTCATGCGCATGCTAGCAGGCAATGCTGTAGCAGGTAAGCACTGTGTGCCATYGG 47864
```

5475 CGACCCAGCACTGTTAAGCGTGATACAGTTACAGTGGGTATATACACCAAGTTTAC 5534
|||||
47865 CGACCCAGCACTGTTAAGCGTGATACAGTTACAGTGGGTATATACACCAAGTTTAC 47924
5535 CGATGCGCATCAAAACCGATGCTTGTGGTGGCAATTAACATCAACCGTACGGAAGTAA 5594
|||||
47925 CGATGCGCATCAAGCCGATGCTTGTGGTGGCAATTAACATCAACCGTACGGAAGTAA 47984
5595 CTCGGTGGCTTTAGGTTAAACTCTGCCATCATGTGCAGGCACACGCGACACCAAGC 5654
|||||
47985 CTCGGTGGCTTTAGGTTAAACTCTGCCATCATGTGCAGGCACACGCGACACCAAGC 48044
5655 CAAAAAATCTAGCGGACAGAGGATCAACACACGACAGTGCAGTACGGTTAA 5714
48045 CAAAAAATCTAGCGGACAGAGGATCAACACACGACAGTGCAGTACGGTTAA 48104
5715 AGGCTTTGCTGGACAAACGGGGTTGTGGGTCCTCGTGGGTGCTTGAAGC 5774
|||||
48105 AGGCTTTGCTGGACAAACGGGGTTGTGGGTCCTCGTGGGTGCTTGAAGC 48164
5775 CCGTATCCCAAAATGTGGGACAGAGTGAAGTCCACACGACCCGATGGGCTCAATGG 5834
|||||
48165 CCGTATCCCAAAATGTGGGACAGAGTGAAGTCCACACGACCCGATGGGCTCAATGG 48224
5835 TAGCCAGTTGTACAAAGCGACCCAAAGCATTGCCAACCAACATGAGCTTGACCATCG 5894
48225 TAGCCAGTTGTACAAAGCGACCCAAAGCATTGCCAACCAACATGAGCTTGACCATCG 48284
5895 TATCCACCAAAACGAAATTAAGCCCAATGCAAGGATTTTCATCAGCATGGCGATGGCTC 5954
48285 TATCCACCAAAACGAAATTAAGCCCAATGCAAGGATTTTCATCAGCATGGCGATGGCTC 48344
5955 CATGCCACCAAGCGTATCTCTGGGAGATTCATGTTACCGGGGGTATTGCCACCCACAA 6014
48345 CATGCCACCAAGCGTATCTCTGGGAGATTCATGTTACCGGGGGTATTGCCACCCACAA 48404
6015 CGGTCAAGGTCGGTGGACAGTGGGACTGTCCAAGCTGTGCGAATTAATGGTCAATGGGTAT 6074
48405 CGGTCAAGGTCGGTGGACAGTGGGACTGTCCAAGCTGTGCGAATTAATGGTCAATGGGTAT 48464
6075 TAAATCAATGTTTCAGCGGATACCCCAAGGCGATGAGGGGGCGAGTGGTGGAGTTT 6134
48465 TAAATCAATGTTTCAGCGGATACCCCAAGGCGATGAGGGGGCGAGTGGTGGAGTTT 48524
6135 TCACCTTT 6141
48525 TCACCTTT 48531

RESULT 11
AX079957 3135 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
LOCUS AX079957
DEFINITION Sequence 45 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079957
VERSION AX079957.1 GI:13159465
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
Moraxella catarrhalis.
Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
1 (bases 1 to 3135)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
JOURNAL Patent: WO 0107619-A 45 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES
source
1..3135
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 1011 a 746 c 741 g 637 t
ORIGIN

Query Match 51.0%; Score 3132; DB 6; Length 3135;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 3132; Conserved 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
3010 GGTACGGTTACCTTGGCATTAAACACCAAGCGGTCTTAAAGCGGCAAAAGACCTTA 3069
1 GGTACGGTTACCTTGGCATTAAACACCAAGCGGTCTTAAAGCGGCAAAAGACCTTA 60
3070 AACGACGGTGGCTTGTCTATTAAACCCCACTGGTGGCCGAACAAATCCAAAGTGGTCT 3129
61 AACGACGGTGGCTTGTCTATTAAACCCCACTGGTGGCCGAACAAATCCAAAGTGGTCT 120
3130 GATGGCGGAAGTTTGGCCAAAGGTTAATTAATAGTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGC 3189
121 GATGGCGGAAGTTTGGCCAAAGGTTAATTAATAGTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGC 180
3190 ACAACTGCGATTACCAAGATGAATAATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCACTTGATTA 3249
181 ACAACTGCGATTACCAAGATGAATAATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCACTTGATTA 240
3250 AGCAAAACCCCACTAAGCAAGAGCGGCAATTACGAGGTGGTAAAGATTACCAACTT 3309
241 AGCAAAACCCCACTAAGCAAGAGCGGCAATTACGAGGTGGTAAAGATTACCAACTT 300
3310 CAATCAGGTGAGATTGGCCCAAAAGAGCCATGATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTATGAT 3369
301 CAATCAGGTGAGATTGGCCCAAAAGAGCCATGATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTATGAT 360
3370 TTTAAACCGCACTTGAACAAATAATGACAGTACTGCGCAAAACAGCAAAACTCATTA 3429
361 TTTAAACCGCACTTGAACAAATAATGACAGTACTGCGCAAAACAGCAAAACTCATTA 420
3430 CACGATCTCTAGTAGAGCATGAACAAAGTAAATTAATTAAGTTAGTAACTTACTTC 3489
421 CACGATCTCTAGTAGAGCATGAACAAAGTAAATTAATTAAGTTAGTAACTTACTTC 480
3490 AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCAAGGTGAACAGCGCATTA 3549
481 AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCAAGGTGAACAGCGCATTA 540
3550 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGTGGTGGGCAATTCACCAACCAAGGCTTAAACAG 3609
541 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGTGGTGGGCAATTCACCAACCAAGGCTTAAACAG 600
3610 CCTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGCAAGGCAATGTCATTGACAGCCAAATGCT 3669
601 CCTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGCAAGGCAATGTCATTGACAGCCAAATGCT 660
3670 CAAATTAACATCAGAGCACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGATAAGGTAGC 3729
661 CAAATTAACATCAGAGCACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGATAAGGTAGC 720
3730 GTACGACACAGAGCAAGCAATTAATCAAGAGCAAAACCCGTCGCCAGC 3789
721 GTACGACACAGAGCAAGCAATTAATCAAGAGCAAAACCCGTCGCCAGC 780
3790 ATTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGCTTTAATTGCAAGGCAATGCTGAAGCGGTGACTTT 3849
781 ATTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGCTTTAATTGCAAGGCAATGCTGAAGCGGTGACTTT 840
3850 GTCTCCACTTATGACACCGGTCAACTTGGCCATGSCATGACACCGGCTAAGGTAGC 3909
841 GTCTCCACTTATGACACCGGTCAACTTGGCCATGSCATGACACCGGCTAAGGTAGC 900
3910 TATGATGACACAGCAAAACGATTAAGTGTCTGATGTCATGATGATGATGATGATGATGATG 3969
901 TATGATGACACAGCAAAACGATTAAGTGTCTGATGTCATGATGATGATGATGATGATGATG 960
3970 ATTGAAGTTAAAGTAAAGAACTTGGCGTTAAAAACCAACCATGACAGTATGCGACCA 4029
961 ATTGAAGTTAAAGTAAAGAACTTGGCGTTAAAAACCAACCATGACAGTATGCGACCA 1020

QY	4030	GGTGTATATAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGGAGTGGCCTTGTCAAGGCCAGT	4089
Db	1021	GGTGTATATAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGGAGTGGCCTTGTCAAGGCCAGT	1080
QY	4090	GATATCGTTCATCATCTTAAACACCTTATATGTGGCGACATTCCAAACCTGCCAAAGGGGCAACG	4149
Db	1081	GATATCGTTCATCATCTTAAACACCTTATATGTGGCGACATTCCAAACCTGCCAAAGGGGCAACG	1140
QY	4150	CAAGCGAACAACCTCAGCAGGCTATGTGGATGTGCTGATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGT	4209
Db	1141	CAAGCGAACAACCTCAGAGAGGCTATGTGGATGTGCTGATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGT	1200
QY	4210	ACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCGACATTTGATTAACCAAGAAAGTT	4269
Db	1201	ACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCGACATTTGATTAACCAAGAAAGTT	1260
QY	4270	GCCAAACACAACTGGCGGCCCAAGGCCCAAAACCCCAAGATGGCAGCATTTGGCTCAATGAT	4329
Db	1261	GCCAAACACAACTGGCGGCCCAAGGCCCAAAACCCCAAGATGGCAGCATTTGGCTCAATGAT	1320
QY	4330	GTCAAATCACTCATTTAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATTAATAAAGCAAGCATCAAT	4389
Db	1321	GTCAAATCACTCATTTAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATTAATAAAGCAAGCATCAAT	1380
QY	4390	GAAACACAGCCCTTTTGTAAAGACTTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACCAAAAC	4449
Db	1381	GAAACACAGCCCTTTTGTAAAGACTTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACCAAAAC	1440
QY	4450	GCGCATACTCTGGGGTGTTTTAATGGCGTGTGGCCAAACCGGCTCAACCTTGGCAGGG	4509
Db	1441	GCGCATACTCTGGGGTGTTTTAATGGCGTGTGGCCAAACCGGCTCAACCTTGGCAGGG	1500
QY	4510	GATACAGGCAACAACGGCTAAAAAAACCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAGAGTGGGCAACAA	4569
Db	1501	GATACAGGCAACAACGGCTAAAAAAACCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAGAGTGGGCAACAA	1560
QY	4570	GACACCAATTAAGTAAACCGATTAATAACATCGGTGTGTGAGCAGTACTGATGGCTTCACT	4629
Db	1561	GACACCAATTAAGTAAACCGATTAATAACATCGGTGTGTGAGCAGTACTGATGGCTTCACT	1620
QY	4630	GTCAACTGGCCAAAGCCCAACCATCTTAAACAGCGTTAATAGCAGGTGGGCAACCAAAATT	4689
Db	1621	GTCAACTGGCCAAAGCCCAACCATCTTAAACAGCGTTAATAGCAGGTGGGCAACCAAAATT	1680
QY	4690	GATACACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAACCGGTCGAAGCCAAAGCAACACCCCTGTG	4749
Db	1681	GATACACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAACCGGTCGAAGCCAAAGCAACACCCCTGTG	1740
QY	4750	CTAAGTCCCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCAGTAATGTGGGCAAAAGCACA	4809
Db	1741	CTAAGTCCCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCAGTAATGTGGGCAAAAGCACA	1800
QY	4810	AAAGATACGACCGCTGGCAATGTACAAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTGTGGGCTT	4869
Db	1801	AAAGATACGACCGCTGGCAATGTACAAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTTGTGGGCTT	1860
QY	4870	GGTAACTCTGTATGATATCAACGCTGACGGCAATCAAGTAAACATTGCCACATCAAAAAA	4929
Db	1861	GGTAACTCTGTATGATATCAACGCTGACGGCAATCAAGTAAACATTGCCACATCAAAAAA	1920
QY	4930	GACCCAATTCAGGTTTCATCTAAACGCACTGTCATCAAAAGCAGCAGGATCTTGGC	4989
Db	1921	GACCCAATTCAGGTTTCATCTAAACGCACTGTCATCAAAAGCAGCAGGATCTTGGC	1980
QY	4990	GGTAAAGCTAATAACGATTAACGAAAAACCTTGGCACCTGGTGTATCAAGTGGGCGTGAT	5049
Db	1981	GGTAAAGCTAATAACGATTAACGAAAAACCTTGGCACCTGGTGTATCAAGTGGGCGTGAT	2040
QY	5050	AAAGACGGCAACGCTAAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATATGC	5109
Db	2041	AAAGACGGCAACGCTAAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATATGC	21000
QY	5110	AGCAAAAAAGCCCTGTGCGCACTTATTAACGCGCAGGTACAGACCACTATTGTGACAAAC	5169

Db	2101	AGCAAAAAGAGCCCTGCTCGCCACTTAAAGCCGCGAGGTGACAGCAACTATTGGACAAAC	2160
Qy	5170	AAACCCGACAGAACCCATTGACAAATAAATAAGAAAGATACCGCTTCTCCATGTCAAAC	5229
Db	2161	AAACCCGACAAAGCAATTTGACAGAAATAAATAAGAAAGATATCCGCTTCTCCATGTCAAAC	2220
Qy	5230	GATGGCATTCAGAAGCCTGTGGTACAGAAGGCGTTAACGGCATTGACTCAAGTGCCTCAAGC	5289
Db	2221	GATGGCAATTCAGAAGCCTGTGGTACAGAAGGCGTTAACCGGATTGACTCAAGTGCCTCAAGC	2280
Qy	5290	AAGACATCATGAGCGATAGGTTTCCAGGGCAAGGCAAGATGATGGAAGCCGCGGTGGCATA	5349
Db	2281	AAGACTCATGAGCGATAGGTTTCCAGGGCAAGGCAAGATGATGGAAGCCGCGGTGGCATA	2340
Qy	5350	GGCAGACAAACCCAGAGAGGCAACCAATCCATCGCCATCGATGGTGAATAAGCGCAACGCCAG	5409
Db	2341	GGCAGACAAACCCAGAGAGGCAACCAATCCATCGCCATCGATGGTGAATAAGCGCAACGCCAG	2400
Qy	5410	GGCGATCAATCATCGCCATCGGTACAGGCATGTGTGTAGACAGGTAAAGCACTGTGTGTGC	5469
Db	2401	GGCGATCAATCATCGCCATCGGTACAGGCATGTGTGTAGACAGGTAAAGCACTGTGTGTGC	2460
Qy	5470	ATCGGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTGAATAACAGTTACAGTGGGTGAATAACAAACAG	5529
Db	2461	ATCGGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTGAATAACAGTTACAGTGGGTGAATAACAAACAG	2520
Qy	5530	TTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATAACATACCGTGTACCAG	5589
Db	2521	TTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATAACATACCGTGTACCAG	2580
Qy	5590	AGTAACTCGGTTGCTTAACTGAGTTACAACTGCCATCATGTGACAGGCACACAGCGAGCACA	5649
Db	2581	AGTAACTCGGTTGCTTAACTGAGTTACAACTGCCATCATGTGACAGGCACACAGCGAGCACA	2640
Qy	5650	CAACGCCAAAAAATCTGACGGCCACAGAGATGACAAACCCACAGCAGGTGCAACCGGTACG	5709
Db	2641	CAACGCCAAAAAATCTGACGGCCACAGAGATGACAAACCCACAGCAGGTGCAACCGGTACG	2700
Qy	5710	GTTTAAAGCTTTGCTGTGACAAAGGGCGGTTGGTGGCGGTCTCCGTGGGTGCGTCAAGTGCT	5769
Db	2701	GTTTAAAGCTTTGCTGTGACAAAGGGCGGTTGGTGGCGGTCTCCGTGGGTGCGTCAAGTGCT	2760
Qy	5770	GAAACCGCGTATCCAAAATGTGTGSCAGCAGGTGAAGTCAAGTCCACACAGCAGCATGTGCGTC	5829
Db	2761	GAAACCGCGTATCCAAAATGTGTGSCAGCAGGTGAAGTCAAGTCCACACAGCAGCATGTGCGTC	2820
Qy	5830	AATGATGACCAAGTTGTAACAAGCCACCCAAAGCATGTGCCAACAGCAACCAATGAGGTTTAC	5889
Db	2821	AATGATGACCAAGTTGTAACAAGCCACCCAAAGCATGTGCCAACAGCAACCAATGAGGTTTAC	2880
Qy	5890	CATCGTATCCACAAACGAAAAATAAGGCCAATGACGGGATTTCATCAGCGATGGCGATG	5949
Db	2881	CATCGTATCCACAAACGAAAAATAAGGCCAATGACGGGATTTCATCAGCGATGGCGATG	2940
Qy	5950	GGCGTCAATGCCACAAGCCTCATATTCTGGCAGATCATGTGTTACCGGGGGATTTGGCCACC	6009
Db	2941	GGCGTCAATGCCACAAGCCTCATATTCTGGCAGATCATGTGTTACCGGGGGATTTGGCCACC	3000
Qy	6010	CACAAAGGTCAAGGTGTGGTGGGACAGTGGGACGTGTCAACCTGTCCGATTAATGTCAAAAG	6069
Db	3001	CACAAAGGTCAAGGTGTGGTGGGACAGTGGGACGTGTCAACCTGTCCGATTAATGTCAAAAG	3060
Qy	6070	GTAATTTAAATCAATGTTTACGCCGATATACCAGAGGCATATGTAGGGGCGGCAAGTTGGTCA	6129
Db	3061	GTAATTTAAATCAATGTTTACGCCGATATACCAGAGGCATATGTAGGGGCGGCAAGTTGGTCA	3120
Qy	6130	GGTTTTCACATT 6141	
Db	3121	GGTTTTCACATT 3132	

AY077638 7286 bp DNA linear BCT 28-JUL-2002
LOCUS
DEFINITION Moraxella catarrhalis strain O12E hemagglutinin (hag) gene,
complete cds.
ACCESSION
VERSION AY077638.1 GI:2200941
KEYWORDS
SOURCE Moraxella catarrhalis.
ORGANISM Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
REFERENCE
AUTHORS 1 (bases 1 to 7286)
Pearson,M.M., Lafontaine,E.R., Wagner,N.J., St Geme,J.W. III and
Hansen,E.J.
TITLE A hag Mutant of Moraxella catarrhalis Strain O35 Is Deficient in
Hemagglutination, Autoagglutination, and Immunoglobulin D-Binding
Activities
JOURNAL Infect. Immun. 70 (8), 4523-4533 (2002)
PUBMED 12117964
REFERENCE 2 (bases 1 to 7286)
Pearson,M.M., Lafontaine,E.R., Wagner,N.J. and Hansen,E.J.
AUTHORS Direct Submission
TITLE Submitted (29-JAN-2002) Microbiology, University of Texas
JOURNAL Southwestern Medical Center, 5323 Harry Hines Blvd, Dallas, TX
75390-9048, USA
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..7286
/organism="Moraxella catarrhalis"
/strain="O12E"
/db_xref="taxon:480"
261..7205
/gene="hag"
261..7205
/gene="hag"
/note="autoagglutinin; binds Homo sapiens IgD"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="hemagglutinin"
/protein_id="AAL78285.1"
/db_xref="GI:2200942"
/translation="MNHIYKVFNKATGTFWAFAVAEYAKSHSTGSCATGOVSVCTLS
FARVALAVLVIGTILSGSAVAONLGSIKRGTCTGNDNDAENPAESLAKADG
NOSVALIGSKRDPHNOANOAGSHAKQESAIIGCVLAHDGDSIAIGSDLLNKR
DGSNKHSGPLNTLLOHNRVLSLRSSDONSVKTRRTAEHASTAGAMVAAGHES
NAEGRATAEQPSYLAAGLAKAEKGYTIAVNSAOAISYGTIAIGDQVNLGYVA
LGYSQILLNNNNNNNAVIPKSESKIINODAKIOHGLFSGISIRKILNAGAND
DTPDAVNOALKAVEYLANRKITFTGDSGGGOKGLNELTIKGETTDNKLADNNIG
VVKDNGSLKYLAKLTLGLEAVTOMLTGATATVNTGTATLNSGLTFESSSTPE
GTNKTYVYIDGLKFTDSSDVALENTTRITRDKYGFSSKAGTVDESKYLDKELKVG
NSTLNGGLVNNNAVNOQIOVGDGIRKFAVNGSTVYGTTRIAEDKIGFAGADGR
VDTASPYLDKQIOLAVGVKITYKDGINAGDQKISNVADQDTPDAVYKQIKQVQDA
DGAQSFSIIDEKEQEFITISLNGNTPNFEAITGAGENSISNDIAKGVKGI
DOTNGLTTPKLTGVKDONATOLIVEOVAETNGNCTKNIRLSPLPSIASQSRNIE
OGNTTDEDESKKASIDDLNTGPNLKNNDADPEVSTYVPTFGNATTAATYTD
SAKOISTVTTDVANDNKTIELTDGNGTKNGVATLTTLTSTGNAFTSTDDNAL
VNAADLAGNLTNLAGELHTTKGTADIALQTFEAKKDDATDELTITVKDQONQNTVA
TLTLKGVNGNLIKTDKNGVTFGINTOSGLAKGDNITLNDKGLSKRPTSEIOYVA
DGYKFAVDKGAAGAAGAGIDGSTRITKDOIAGFNSGOVDINKPHLTKOKLKYGEV
ITNNGINAGKKTITNOSGDIOTNSHDAVYFGKTYDKTELESKPTNMPKPKDNG
FSVADDEGNHFTVSNPYSYDTSKTSYVITFVGENGTITTKYKKNKVVAGYIDQTLT
PKLTVGNNNGKGLVIDSQONTTGSNTLANVTNGAGALSOGLANDIDKTRRAS
IGDLNAGFNLOAGEAVDFVSYDVDFDGNATTKRVYDDKQVSTVYDVNVAD
TTLTEVGKRLGVKTTTLTSTGANKRFALSNQADALVYKASDVAHLNTLSGDIQA
KGQAQAOQAQOAMMLAIIRSSMTVPIRSTIKSMTVRKTRKRSKPTNMPKPKDNG
TLAOMNYSVINKEOVNDANKOGINEDNAFVGLKEAASDNKKNAAVYVYGDNLAA
OTPLTPAGDPTTAKKIGETLTITKGGOTDNKLTLDNNGIYVAGTDEFTVKLAKUTNL
NSVAVGKTLIDENGISFVDANGAKAMPVLSAGIDLGGKRLSINCAADVDDNVAVF
KQENVAKTIVNNINOSNGASLPEVVTADNGKINCTDGGKPOKAIINCAADKYNHANA
NGYVNDKGDITDADKLANLAVHGRPLDGHVAVLSGSDITLTNLKSTLPOJA
TPNNGANNAOAOGLPSLSAOSNNAVSVDLVNGLNTOHNOVDFKAYDYNVY
NGTGADITTSVRSADGTSNTTNTATLAATDDGVLLKAKDGKRYKADDLMPNSLKA
GKSASDAKTPETGLSVLPNADKSTGDAVALNINLSKAVFSSKSDITTTVSSDSISIO
GKDNSTITLSKDLNNGVKVLSNVGKGTJDTDAANVOULNEVRNLGLGNAGNDNADG

NOVNIADIKIDPNSGSSNRVITKAGTVLGGKNNDEKLIATGVOVDPKDNANGD
LSNVWTKOKOSSKALLATATYNAACQVLYLNNPBAIDRINEQISREFFHYNDQOE
VYQGRNGIDSSASGKHSVAITGRKAKADEBAVALIKOTYQAGNOSTAIDNNOATGDS
IATIGNNAVAGKHSAGIDPSTVKADNSYGVNNNOFTDADOTVDGNNITVIESN
SVALGSNVAISAGTHAGIOAKSDEDTAGTATTAGTAVGTAGAGAVAGVAGSA
ERLIONVAGAEVSATSDAVNSOLYKATGOSLANATNEDRHHONEKMANAGISSAM
AMASMPQAYITPORSWVTGIAITHNGGAVAVGLSLSDNGWVEFINSDPTQGHVGA
AVGGEFHP"
BASE COUNT 2392 a 1684 c 1606 g 1604 t
ORIGIN
Query Match 44.5%; Score 2734.2; DB 1; Length 7286;
Best Local Similarity 68.4%; Pred. No. 0;
Matches 4916; Conservative 0; Mismatches 978; Indels 1295; Gaps 30;
QY 1 ATGAATCAATCTATTAATGATCTTTTACCAAGCACAGCAGCATTTATGCGAGTGCA 60
DB 261 ATGAATCAATCTATTAATGATCTTTTACCAAGCACAGCAGCATTTATGCGAGTGCA 320
QY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGCGGGGGAGCTGTGTCTACAGGGCAGTGGCAGT 120
DB 321 GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGCGGGGGAGCTGTGTCTACAGGGCAGTGGCAGT 377
QY 121 GTATGCACTCTGAGCTTTTGGCCGTATTTGGCGGCTGCTGCTGCTGATGCGGCAAGC 180
DB 378 GTATGCACTCTGAGCTTTTGGCCGTATTTGGCGGCTGCTGCTGCTGATGCGGCAAGC 437
QY 181 CTCAGTGGCAGCTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGCTGACACA 240
DB 438 CTCAGTGGCAGCTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGCTGACACA 493
QY 241 AACCAAGCCAAAGAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGGAGGATCGAGCCATTGCTATTGGT 300
DB 494 AGCCAAACAAAGAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGGAGGATCGAGCCATTGCTATTGGT 545
QY 301 GAAATGCTTACGCAAGGCGGCTCAGGCACTGCCAATGCGGATGATGATGATGATGATG 357
DB 546 AGCTGCTGCAAGGAGATGCGCAATCAATCTGTTGCTATCGGATGATGATGATGATGATG 605
QY 358 GTCATGGAAGAGATTTGGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 417
DB 606 CATTAATCAACAGGCTATATCAGAGGCGAGGCTCCACAGCCAAAGGCTAAGAGTCCATTCG 665
QY 418 ATCGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGGTATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGATGATG 477
DB 666 ATCGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGGTATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGATGATG 725
QY 478 CATTTGCTTGAATCAGATGCTATATCTTAACATCCGAAGAGTACTGTGATTAAGCATCTT 537
DB 726 TATTTGAATTAATAGGATGCTAGCAATTAACAT--ACAAAGTGTCCAATTAACACTTTG 782
QY 538 ATTAAGCGGATGATGATTAAGAAATAGCAAGCTCAAGAGATTAATGATTAATTAATAT 597
DB 783 ATTAAGCGGATGATGATTAAGAAATAGCAAGCTCAAGAGATTAATGATTAATTAATAT 842
QY 598 AGACGCAACAGCGCAAGGAGACAGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGCTCATATGACACAG 657
DB 843 AGACGCAACAGCGCAAGGAGACAGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGCTCATATGACACAG 902
QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGGTATACAGGGGCAAGGCTAAAGTGGCTATTCTTTGGCA 717
DB 903 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGGTATACAGGGGCAAGGCTAAAGTGGCTATTCTTTGGCA 962
QY 718 GTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGAGGCGCAATCTCAATTCGCTATTGGTGTGATGACACA 777
DB 963 GTGGGTCTTGGCGCCACAGCGGAGGCGCAATCTCAATTCGCTATTGGTGTGATGACACA 1022
QY 778 TCTAGCTGTTGGAGGAGCATAGCCCTTGTGAGGATCTGCTGCTCAGCTCAGGAGGAGT 837
DB 1023 GCTATACATTTATGAGCAATATAGCCATTTGTGACAGTACTCAAGTTAATTTGGATTAAGCT 1082
QY 838 ATTTGCCCTAAGGTCAAGGTTCTGTGTCTACCTCAGAGTGAATTAATTTCTAGACGCGGCTAT 897

QY	3037	ACAAAGCGCTTTAAAGCGG - - - CAAAGCACCCCTTAAGACAGCGGCTTGCTGATTTAAA	3093
Db	3081	CAAAAGCGCTTTAAAGCGGCGACAAACACCACTCTTAACAAAGATGCTTGCTGATTTAAA	3140
QY	3094	AAOCCCACTGGTAGCGAAACAAATCCAAAGTCGGTGCTGATGCGGTGAAGTTTGCCAAAGTT	3153
Db	3141	AAOCCCACTGGTAGCGAAACAAATCCAAAGTCGGTGCTGATGCGGTGAAGTTTGCCAAAGTT	3200
QY	3154	AATTA-----TAAAGTGTTGATAGGTGCTGGCATTTGATGGCACAACCTGGCATTAACGA	3207
Db	3201	GATTAAGGCTCTCAGGTGCTGGAGGTGCTGGCATTTGATGGCACAACCGGATTAACGA	3260
QY	3208	GATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCAGCTTTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGC	3267
Db	3261	GATCAATTTGGCTTTGCTTAATAGTACGGGTCAAGTTGATATAACAAACCCCACTAAGC	3320
QY	3268	AAAGAC-----GGCATTAACGCAAGTGT	3291
Db	3321	AAAGACAGCTTAAAGTGGTGATGTAATTAACCACTGGCATTTAAGCGCAAGTGT	3380
QY	3392	AAAAAGATTACCAACATTCATCAATCAGGTGATTTGCCAAACACGCATGATGCTGACA	3351
Db	3381	AAAAAGATTACCAACATTCATCAATCAGGTGATTTACCCAAACACGCATGATGCTGACA	3440
QY	3352	GGGCGCAAGATTATGATTTTAAACCCGAATTTGAAACAAATCAGAGTACTGCCAA	3411
Db	3441	GGGCGCAAGATTATGATTTTAAACCCGAATTTGAAACAAATCAGAGTACTGCCAA	3500
QY	3412	ACACACAAAAATCATATTACACGAAATTCAGTAGACAGATGAACAAAGATTAACCTTACG	3471
Db	3501	ACACACAAAAATCATATTACACGAAATTCAGTAGACAGATGAACAAAGATTAACCTTACG	3560
QY	3472	GTTTAGTAAOCCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCGATGTCACTCTTGCA	3531
Db	3561	GTTTAGTAAOCCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCGATGTCACTCTTGCA	3620
QY	3532	GGTGAANAAGGGCATTTCCACCAAGATTAATTAAGGTGTGGTGCGGTGGGATTAAGCAA	3591
Db	3621	GGTGAANAAGGGCATTTCCACCAAGATTAATTAAGGTGAAGGTGTGGTGCGGATTAAGCAA	3680
QY	3592	ACCAAAAGCTTAAACACAGCCTTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATGAAGCAAGCAATTGTC	3651
Db	3681	ACCAAAAGCTTAAACACAGCCTTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATGAAGCAAGCAATTGTC	3740
QY	3652	ATTGACACGCCAAATGGTCAAAATACCATACACAGACTAAGCAACACTCTAGCTAATGTT	3711
Db	3741	ATTGACAGTAAAGTGTGCTAAATACCATACACAGACTAAGCAACACTCTAGCTAATGTT	3800
QY	3712	ACCAATATTAAGGTAGACGTAACGACACACAGAAAGAGGCAATATTAATCAAGAACGAAGAC	3771
Db	3801	ACCAATTA-----TGGTGAAGACACACGCACTTAAGCAAGGGCTTGCCATTAAGCACGAGAC	3854
QY	3772	AAAAACCGTGCCGACAGACTTGTGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAAGCTGACAGGCAT	3831
Db	3855	AAAAACCGTGCCGACAGACTTGTGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAAGCTGACAGGCAT	3914
QY	3832	GGTGAAGCGGTGACTTGTGCTCAGCTTAATGACACGCTAAGCTTTGGCGATGGCAATGCC	3891
Db	3915	GGTGAAGCGGTGACTTGTGCTCAGCTTAATGACACGCTTGAAGCTTTATGATGAGCAATGCC	3974
QY	3892	ACCAACGCTAAGGTGACCTTGTGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGGTATGATGTC	3951
Db	3975	ACCAACGCTAAGGTGACCTTGTGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGGTATGATGTC	4034
QY	3952	AATGTGGATGATTAACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAACTTGGGTAAACCAACACACA	4011
Db	4035	AATGTGGATGATTAACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAACTTGGGTAAACCAACACACA	4094
QY	4012	TTGACACAGTACTGACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGCAT	4071
Db	4095	TTGACACAGTACTGACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGCAT	4164
QY	4072	CGCGTTGTCAAGCGCAAGTGAATTCGTTGCTCATTAACACACCTTAATCTGGCAGCATCCAA	4131

Db	4155	GCCTTGTCAAGGCCAGTATATCGTTGGTCTATCTAAACACCTTATCTGGGACATCCAA	4214
QY	4132	ACTGCCAAGGGCGCAAGCCAGCAGCAACTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGATGGCAAT	4191
Db	4215	ACTGCC - AAGGGGCGAAGCCCAAGCAGCAGCTCAGCAAGCTATGTGGATGCTGATGGCAAT	4273
QY	4192	AAGGTATCTATACAGTGTACCGTAACTCAAGTCTCTTCACAAAGCCAAAATAATGATGGCAAGTT	4251
Db	4274	AAGTCTCTCTATACAGTACCGTAACTCAAGTCTCTCTTCACAAAGTCAATGACAAAGGCTCAAGCG	4333
QY	4252	GATTAACCAACCAAGACTTGCACAAAGCAAACTGTGTGCCCAAGCCCAACCCAGAT -GG	4310
Db	4334	GACAAAACCAAGAAAGTCAACCAAGCAAACTGTGTGCCCAAGCCCAACCCAGATGGG	4393
QY	4311	CACATTGGCTCAATTAATGTCAATTCAGTCTTTAAACAAGAACAGTAATTAATGATGCCAA	4370
Db	4394	CACATTGGCTCAATTAATGTCAATTCAGTCTTTAAACAAGAACAGTAATTAATGATGCCAA	4453
QY	4371	TAAAGGCAAGGATCAATGAAGACAAACCCCTTGTGTTAAGAGACTTGAAGAAAGCCGCTTC	4430
Db	4454	TAAAGGCAAGGATCAATGAAGACAAACCCCTTGTGTTAAGAGACTTGAAGAAAGCCGCTTC	4513
QY	4431	TGATTAACAAACCAAAACCGCGCAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAC	4490
Db	4514	TGATTAACAAACCAAAACCGCGCAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAC	4573
QY	4491	ACCGCTGACCTTTGCAAGGGGATTCAGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGGCGAGACTTTGAC	4550
Db	4574	ACCGCTGACCTTTGCAAGGGGATTCAGGCAACACGGCTAAAAAACTGGGGCGAGACTTTGAC	4633
QY	4551	CATCAAAAGGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTTAACCCGTAATAACATCGGTGTGGTAGC	4610
Db	4634	CATCAAAAGGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTTAACCCGTAATAACATCGGTGTGGTAGC	4693
QY	4611	AGGTACTGATGCTTACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAAACAGCGTTAA	4670
Db	4694	AGGTACTGATGCTTACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAAACAGCGTTAA	4753
QY	4671	TGCAGGTGGACCAAAATTTGATGACAAAGCGCTTTGTTGATGACTCAACGGGCTCAAGC	4730
Db	4754	TGCAGGTGGACCAAAATTTGATGACAAAGCGCTTTGTTGATGACTCAACGGGCTCAAGC	4813
QY	4731	CAAAAGCAACCCCTGTGTCTAAGTGCCAAATGGGCTGACACTGGGGTGGC -----	4779
Db	4814	CAAAAGCAACCCCTGTGTCTAAGTGCCAAATGGGCTGACACTGGGGTGGC -----	4873
QY	4780	-----	4779
Db	4874	TAAACATGGGTGACGCTCTTGTATGATTAACGATGGGTGAACCTTTAAGACTTTAATGAAGT	4933
QY	4780	----- ¹	4779
Db	4934	TGCCAAAAGCGTCAACACACCTTAACACACCAAGTAATCTAGGTGGCTATTGGCCCTTTGT	4993
QY	4780	-----	4779
Db	4994	GGTAACGATGCCAAATGGCAAGCCCATCAATGAGCAACCGATGGCAAGCCCAAAAAGCCAT	5053
QY	4780	-----	4779
Db	5054	CAAAGGGCGCGATGTAAATTAATTAATCAACGCCAATGCCAAAGCGGTACTGTGGACAAGA	5113
QY	4780	-----	4779
Db	5114	TGGCAACCCCATCAACGATGCGACAAACCTTGCCAAATCTGGGAGTTCAATGGCAAAACCCCT	5173
QY	4780	-----	4779
Db	5174	TGATGACGATCAACAGTGTGTGCAAGCCTAGAGCGCAACTCAGATGCAATACCCCTAAC	5233
QY	4780	-----	4779

Db 5234 CAACATCAAGTCCACTTTGGCCACAATTTGCACACCAACCAACAGAGTAATGCCAATGACAGG 5293
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5294 GCAGGCCAAGAGTGTGCCAGCCTATTCAGCAGCAGACGCAAGTAATGCTGCCAGTGTCAA 5353
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5354 AGATGTCTAATATGAGGCTTTAACTTGCAGACCAATCAATCAATCAATGAGACTTTGTCAA 5413
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5414 AGCCTATGATACCGTCACTTTTGTCATATGATACAGGTGCGCATCAGACAGCGTGTAG 5473
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5474 TGTGTATGGCAGATGAGTAACATCACCCTGAACACCGCCTTTCAGCAGCGACGATGATGA 5533
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5534 TGGCAATGTGCTTATCAAGCCAAAGATGTAAAGTTTACAAAGCAGAGACGACCTGATGCC 5593
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5594 AAACGGCTCACTAAAGCAGGCAATATCAGCAGTGTGCTCAAAACTCCAACTGCTTAAG 5653
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5654 CTTTGTTAACCCCATGCTGTATTAAGGAGTACAGGCGATGCAATGCTTAAATACCTT 5713
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5714 ATCAAAAGCGTATTTAATCCAAAGATGTACAACTACTACCAAGTACAGTCTGATGG 5773
 Qy 4780 ----- 4779
 Db 5774 CATCATATCCAGGAAGATTAACAGCAGCATCACCTTAAGCAAGATGGGCTGAATGT 5833
 Qy 4780 ----- 4832
 Db 5834 AGGGGTAAGGTCATCAGCAATGTGGTAAAGGCAAAAGACACGACGCGTCCAAATGT 5893
 Qy 4833 ACAACAGTTAAACGAAAGTACGCACTTGTGGTCTTGTGTAATGCTGTATATGATTAAGC 4892
 Db 5894 ACAACAGTTAAACGAAAGTACGCACTTGTGGTCTTGTGTAATGCTGTATATGATTAAGC 5953
 Qy 4893 TGACGGCAGTACGTAATTAACATTTGCCGACATCAAAAAAGCAAAATTCAGTTTCATC 4952
 Db 5954 TGACGGCAGTACGTAATTAACATTTGCCGACATCAAAAAAGCAAAATTCAGTTTCATC 6013
 Qy 4953 TAACCGCACTGTCAATCAAGGAGGAGGAGTCTTGGGGTAAAGTAAATTAATGATACGCA 5012
 Db 6014 TAACCGCACTGTCAATCAAGGAGGAGGAGTCTTGGGGTAAAGTAAATTAATGATACGCA 6073
 Qy 5013 AAAACCTGCACTGTGTATACAAAGTGGGCTGATTAAGACGCAACGCTTAAGCGCA 5072
 Db 6074 AAAACCTGCACTGTGTGTATACAAAGTGGGCTGATTAAGACGCAACGCTTAAGCGCA 6133
 Qy 5073 TTTAAGCATGTTGGTGTCAAAACCCCAAAAAGATGACGCAAAAAGCCCTGCTGCCAC 5132
 Db 6134 TTTAAGCATGTTGGTGTCAAAACCCCAAAAAGATGACGCAAAAAGCCCTGCTGCCAC 6193
 Qy 5133 TTTAAGCGCGAGGTGACCAACTATTTGACCAACAAACCCCGAGAAAGCATTTGACAG 5192
 Db 6194 TTTAAGCGCGAGGTGACCAACTATTTGACCAACAAACCCCGAGAAAGCATTTGACAG 6253
 Qy 5193 AATAAATGAACAGGTATCCCTTCTTCATATGATCAAGATGACATCAAGAGCTGTGGT 5252
 Db 6254 AATAAATGAACAGGTATCCCTTCTTCATATGATCAAGATGACATCAAGAGCTGTGGT 6313
 Qy 5253 ACAAGGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCATCAGTGGCGATAGGTTT 5312
 Db 6314 ACAAGGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCATCAGTGGCGATAGGTTT 6373

Qy 5313 CCAGGCAAGGAGATGTGTAAGCGCGGTGCGATAGGACAGCAAAACCCAGGACGA 5372
 Db 6374 TAAGGCCAAGGAGATGTGTAAGCGCGGTGCGATAGGACAGCAAAACCCAGGACGA 6433
 Qy 5373 CCAATCATGCGCATCGATGATTAAGCAGACAGCAGGCGATCATCATCGATCGCATCGG 5432
 Db 6434 CCAATCATGCGCATCGATGATTAAGCAGACAGCAGGCGATCATCATCGATCGCATCGG 6493
 Qy 5433 TACAGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCAGTCTGTGTGCATCGCGACCCAGCATGTTAA 5492
 Db 6494 TACAGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCAGTCTGTGTGCATCGCGACCCAGCATGTTAA 6553
 Qy 5493 GGCTGTATACAGTTCAGTGGGTGATTAACAAACAGTGTACGATGGCATCAACGCA 5552
 Db 6554 GGCTGTATACAGTTCAGTGGGTGATTAACAAACAGTGTACGATGGCATCAACGCA 6613
 Qy 5553 TGTCTTGTGTGGCAATTAACATCACCGTGAACCGAAATTAAGTGTGCTTGTAGTTTC 5612
 Db 6614 TGTCTTGTGTGGCAATTAACATCACCGTGAACCGAAATTAAGTGTGCTTGTAGTTTC 6673
 Qy 5613 AAACCTGCGCATGATGACAGGACACAGCAGGACACAGCCAAAGCCAAATTCAGCGCAC 5672
 Db 6674 AAACCTGCGCATGATGACAGGACACAGCAGGACACAGCCAAAGCCAAATTCAGCGCAC 6733
 Qy 5673 AGCAGGTACACACACAGCAGGAGTGAACCGGTAAAGGCTTGTGTGGACAAAC 5732
 Db 6734 AGCAGGTACACACACAGCAGGAGTGAACCGGTAAAGGCTTGTGTGGACAAAC 6793
 Qy 5733 GCGGTTGTGTGGCTCCGTGGTGCCTCAGGTGCTGAACCGCGATATCAAAATGTGGC 5792
 Db 6794 GCGGTTGTGTGGCTCCGTGGTGCCTCAGGTGCTGAACCGCGATATCAAAATGTGGC 6853
 Qy 5793 AGCAGGTAGGTGATGTCACACAGCAGCAGTCCGCTCAATGTGTAGCAGTGTATACAGC 5852
 Db 6854 AGCAGGTAGGTGATGTCACACAGCAGCAGTCCGCTCAATGTGTAGCAGTGTATACAGC 6913
 Qy 5853 CACCCAAACCATTTGCCAACGCAACCAATGAGTTCAGTATTCACCAACCAACGCAAA 5912
 Db 6914 CACCCAAACCATTTGCCAACGCAACCAATGAGTTCAGTATTCACCAACCAACGCAAA 6973
 Qy 5913 TAAGGCAATGACGAGGATTTATCAGCGATGAGCGGTGCATCCAGACCTTACAT 5972
 Db 6974 TAAGGCAATGACGAGGATTTATCAGCGATGAGCGGTGCATCCAGACCTTACAT 7033
 Qy 5973 TCTTGCGATGATCATGTGTATACCGGGGTATTTGCCACCCCAACGGTCAAGGTGCGTGGC 6032
 Db 7034 TCTTGCGATGATCATGTGTATACCGGGGTATTTGCCACCCCAACGGTCAAGGTGCGTGGC 7093
 Qy 6033 AGTGGAGTGTGGAAGCTGTGGAATTAATGATGATTAATTAATCAATGATGATGATG 6092
 Db 7094 AGTGGAGTGTGGAAGCTGTGGAATTAATGATGATTAATTAATCAATGATGATGATG 7153
 Qy 6093 CGATACCCCAAGGCATGTAGGGCGGCACTGTGTGAGGCTTTCACCTT 6141
 Db 7154 CGATACCCCAAGGCATGTAGGGCGGCACTGTGTGAGGCTTTCACCTT 7202

RESULT 13
 LOCUS AX079922 6942 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
 DEFINITION Sequence 10 from Patent W00107619.
 ACCESSION AX079922
 VERSION AX079922.1 GI:13159441
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Moraxella catarrhalis.
 Moraxella catarrhalis
 Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
 Moraxella.
 1 (bases 1 to 6942)
 REFERENCES
 1. Loomore, S.M., Sasaki, K., Yang, Y.P. and Klein, M.H.
 Recombinant hlyh molecular weight major outer membrane protein of
 Moraxella

JOURNAL Patent: WO 0107619-A 10 01-FEB-2001;
 CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..6942
 /organism="Moraxella catarrhalis"
 /db_xref="taxon:480"
 BASE COUNT 2286 a 1621 c 1564 g 1471 t
 ORIGIN

Query Match 42.2% Score 2590; DB 6; Length 6942;
 Best Local Similarity 66.9%; Pred. No. 0; Indels 1269; Gaps 28;
 Matches 4802; Conservative 0; Mismatches 1105;

QY 1 ATGAATCAATCTAATAAGTCTTTTAAACAAGCCACAGGCACATTTATGSCATGGCA 60
 DB 1 ATGAATCAATCTAATAAGTCTTTTAAACAAGCCACAGGCACATTTATGSCATGGCA 60
 QY 61 GAGTACGCCAAATCCCAACAGCAGGGGGGGGTAGCTGCTACAGGGCAAGTTGGCACT 120
 DB 61 GAGTACGCCAAATCCCAACAGCAGGGGGGGGTAGCTGCTACAGGGCAAGTTGGCACT 120
 QY 121 GTATGACTGTGAGGTTGGCCGATATGCGCGCTCGGTGCTGATCGTGCACAGC 180
 DB 121 GTATGACTGTGAGGTTGGCCGATATGCGCGCTCGGTGCTGATCGTGCACAGC 180
 QY 121 TCTCTGTGATCCGCTTACTGCTGTGCTGACGCTGCTGCTATGCTGCTGCTGACG 180
 DB 121 TCTCTGTGATCCGCTTACTGCTGTGCTGACGCTGCTGCTATGCTGCTGCTGACG 180
 QY 181 CTCAGTGGCACTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATGTTGTAACAA 240
 DB 181 CTCAGTGGCACTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATGTTGTTGTT 228
 QY 241 AACAGCCAAACGCTGACGCTGCTCCCAAGCGGCGGTGATCGAGCCATTTGCTT 300
 DB 229 - - -ACCAAGCCAAACGCTGACGCTGCTCCCAAGCGGCGGTGATCGAGCCATTTGCTT 285
 QY 301 GAAATGCTAAGCAGACAGCGGCGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTAA--TAAACT 357
 DB 286 AGTCTGCTAAGCAGACAGCGGCGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTAA--TAAACT 357
 QY 358 GTCAATGCAAGCAGTTGGATTAAGTAAAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGCC 417
 DB 346 CGTATCAAGCGGCTAATCAGAGGAGGCTGCCAGCCAAAGGTAAGAGTCCATGCC 405
 QY 418 ATCGGTGATGTAAGAGTGTAGTGTGATGCTGCTGATGCTGCTGATGCTGATGCTGAT 477
 DB 406 ATCGGTGATGTAAGAGTGTAGTGTGATGCTGCTGATGCTGCTGATGCTGATGCTGAT 465
 QY 478 CATTTGCTTGAATCAGCATGTATCTTAACATCCGAAGTACTGCTGATTAACGATCTT 537
 DB 466 TATTTGATAGGATTAAGCATTAATATATCAATATGCTGCTT--TTAGCATCTT 522
 QY 538 ATTAAGGCCATGCAATTTAAAGAAATACGAAGCTCAAGATATGATGTAATAATAT 597
 DB 523 ATTCAAAACCTTACAGTATTAAGCCAAATACGACATCAATGATGTTCTCA--GAATAT 579
 QY 598 AGAGCACAACCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 657
 DB 580 AGAGCACAACCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 639
 QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGGCTTGTGTACAGGAGCAAGTAAAGTGGCTATTTCTTGGCA 717
 DB 640 GGTCAATTTTCCAAAGGCTTGTGTACAGGAGCAAGTAAAGTGGCTATTTCTTGGCA 699
 QY 718 GTGGGTCTTGGCGGACACAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 777
 DB 700 GTAGGTCTTACCGGCAAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 759
 QY 778 TCTAGCTGTGGAGGAGTGGCTTGTGTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 837
 DB 760 GCTATCAATTTATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 819
 QY 838 ATTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 897
 DB 820 ATTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 876

QY 898 ACACCAAAATACCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACAATAATACGAAGCGGT 957
 DB 877 GCTATGTACCAAGAGGATATGCTGCTCAAAATATCTTAAAGCCACCGCAATGCT 936
 QY 958 CCAGTTTCCATTTGGTATTAATCTATCAAAACGTAATATCATGATGCTGCTGCTGCT 1017
 DB 937 TTAATTTCCATTTGGTATTAATCTATCAAAACGTAATATCATGATGCTGCTGCTGCT 996
 QY 1018 AATAAACCAGATGCGGTCAATGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1077
 DB 997 GAGGATACCGATGCGGTCAATGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1053
 QY 1078 CTTAATATTTACTTTTACAGGCTGATTAACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1137
 DB 1054 CTTAATATTTACTTTTAAAGGCTGATTAACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1113
 QY 1138 ACTTTAATTTAAGGTGTG--CAGAGCAACGCGATTAAACGATTAATATATGCTG 1194
 DB 1114 ACTTTAATTTAAGGTGTG--CAGAGCAACGCGATTAAACGATTAATATATGCTG 1173
 QY 1195 GTGGTAAAGAGGCTGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1254
 DB 1174 GTGGTAAAGAGGCTGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1233
 QY 1255 CTTACTGAGGTGAATATACATTAATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1314
 DB 1234 CTTGAACAGATTAAGCAACCAAAACCTTAACCGCGAGGAAAGTTAGCTG--GTAGT 1290
 QY 1315 AGTACTACTACAGCTGAATTTATGATGATAGTTTAACTTTTACCTTTTACCGCAATACAG 1374
 DB 1291 GGTAAATACAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1344
 QY 1375 AGTCAAAACCAAGCAAAACGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1434
 DB 1345 AATGAACACACAGCAAAACGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1404
 QY 1435 GAAACACAGGAGCAATGCGCACTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1494
 DB 1405 AATACGCACTTGA--GATACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1461
 QY 1495 GATGCTGATTTGATGAAACCAAGCAACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGGT 1554
 DB 1462 AAGCTGCTGATGATGAAACCAAGCAACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGG 1520
 QY 1555 AGTGTCAATTTACATTAATGCAATGCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1614
 DB 1521 ----- 1520
 QY 1615 GCCAAAGGTAGCAGTCTAAGATGCGGTACATCGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCT 1674
 DB 1521 - - -CAACAGCACCCTAACAACGAGGTGCTTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1578
 QY 1675 ACTTTAAACGAGGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1734
 DB 1579 AAACAATTCAGAGTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1638
 QY 1735 AGTGCAATGTTACCGCCCACTTACCAATTTGGCGGAAACACCGAGCTTAACAGT 1794
 DB 1639 AATGCCCAAAATTCGCGACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1658
 QY 1795 GATGCACTAGTGAATTAATTAAGTGAAGGTAGTGAAGCAATAGCTAGTACC 1854
 DB 1699 GATGCTAAGGTTGATTA-- 1715
 QY 1855 GCCAATTTTGGCAAGCTATTAATGAAGTCAATGAACGCTGACAGTCTGCTCA 1914
 DB 1716 -----AAAGTCAATATTTGGATTAATAAACAATCTCAAGTGGGTGCTT 1761
 QY 1915 AGCTTACCGTTAAAGAGAGAGATGATGAGCCCAAGCTATACCGGTGCTGCTCA 1974
 DB 1762 AAATTTACCAAGAGAGAGATGATGAGCCCAAGCTATACCGGTGCTGCTCA 1821
 QY 1975 ACAGCAAAAAATGCGGCGGAGTCAAGATCTTAACCTCAAAAGCTAAACAGGTCTAACG 2034

Db	1822	GCAACGGACGATACCGCATGCGACTCTATTAAACAGCTTAAACAACTGCCACAGACGCC	1881
OY	2035	GTTCGTACCAAAAAGATGGTACGGTTACCTTTGGGCTTACCAAGATACGGCTCGAC	2094
Db	1882	GACGGTCCCTACAA-----ACCTTCCTATTGCGATGAAAAAGTCAGGA	1929
OY	2095	ATTGGCAAAAGCACCCCTTAACCAACGATGGCTTGACTGTTAAAGATATCCACGACAAATC	2154
Db	1930	TTTACGATTAGTAACCTTGATTCTGATTATGTAATACCCCAAAATACCTTTGAGACATCAC	1989
OY	2155	CAATCCGCTCTATGTGCATTAAATTTACTAATGTCAATGTAGTAATCCAGACTGTGC	2214
Db	1990	TTTCCAGGTGAAAAGGCGCATCAGTATTCAGCAATGACATGCCAAAGTTAACTCAAG--	2047
OY	2215	ATTGCAAAATACCGCTGCGATTACACAGATAAAATTTGCTTTGCTTGATGTGCA	2274
Db	2048	-TTTGGTATTGACCCCAATCATGTGCTCACACAGCCCTAACCTGACCGTGGTAGCATAA	2106
OY	2275	GTTCATACAAACAACTTATCTTGATCAAAGACAGCTCAAGTTGGCAATGTTAAGATT	2334
Db	2107	GATGGTAAACCTCATATTGTTATGTAAGAACG-----	2137
OY	2335	ACCAACACTGGCATTAACGCGAGGTGTAAGACCATCACAGGGCTGCCCCAACACTGCT	2394
Db	2138	-----TGCTACGGTTAACGACACCAAAACATCTATTAGAGGATTGTCCCCAACACTGCT	2193
OY	2395	AGCATTTCCGATCAAACTAGC-----CGCAACATTAGAACTGGGCAATACATCCAA-----GAC	2448
Db	2194	AGCATTTACCATGCGAGTGGCGTACGACACAGAAACAGGGCAATATACATCCACGCGAC	2253
OY	2449	AAAGACAATTCACACGCTGCCACATTATATTTAAATACAGGCTTTTACCTAAA	2508
Db	2254	GAAACAAATTCAAAAGCGCCAGTATCGGATATTATTAATACAGGCTTTTAACTTAAA	2313
OY	2509	AATATATCAACCCCATTTGACTTGTCTCAGCTTATGACATTTGACTTTGCCAAATGC	2568
Db	2314	AATATATGACATCTCGTTGGCTTTGTCTCAGCTTATACACATGTTGACTTTATCGATGCG	2373
OY	2569	AATGCCACACCGGCACAGTACCCATGATACCGGTAAACAAACAGTAAATGGTATAT	2628
Db	2374	AATGCCACACCGGTAGTAACTTACGATGAAGAACCAATCAAAACAGTAAAGTAACTTAT	2433
OY	2629	GATGTGATGTGATGTATACACCATTTTCACTTACAGGCACTGATGACAA--TAAAAA	2685
Db	2434	GATGTCAATGTGATGTAGAAACCAATTTGAACCTCACAGCGGATATGACAGCAACAA	2493
OY	2686	CTTGGCGTCAAAACACCAACATGTAACCAACAGTGTAAATGTTATATACGCAACTAAC	2745
Db	2494	ATTGGCGTCAAAACACACACAGTACCAACAAATGCTAAATGGTAAGCAAC-----	2546
OY	2746	TTTATGTATTAACCTACTAGTGAAGATGGCCCTGTTTAAAGCCAAAGACATGCCGAAT	2805
Db	2547	--CAACTTTAGTACACCGGATTAACGATGCCCTTTGTTAAAGCCAAAGACATGCCGAAT	2604
OY	2806	CTAAACACCCCTAGCAGGAATTTCAACACCAACAAAGGCACAGACACCGCCCTTACAA	2865
Db	2605	CTAAACACCCCTAGCAGGAATTTCAACACCAACAAAGGCACAGACACCGCCCTTACAA	2664
OY	2866	ACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAATAATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC	2925
Db	2665	ACCTTTAAAGTCAAAAAAGACGGTGCA-----ACTGATGACGAACCATCACCTGGGT	2718
OY	2926	GTGGGTCAAAAGAACGCAATTAATCAAGTCAACACCCCTTAACCTCAAAAGGTGAAAAAG	2985
Db	2719	AAAGATGTATACAAAACGCGACAGACCGTTACACTCTTAAACCTCAAAAGGTGAAAAAG	2778
OY	2986	CTTATATTTAAAAACCGACAAAAATGTTAGCGTTACTCTTGCGATTTAACACGACAGCG	3045
Db	2779	CTAACGGTGTCTACCATATAAGATGGTACGGTTACTCTTGCGATTTAACACGACAGCG	2838
OY	3046	CTTAAGCGGCAAAAGCAC--CTTAACGACGGTGTCTTATTTAAAAACCCCACT	3102

D	283	CTAAGA	CCGGGACAGACACCA	CTCTAA	CAAAAGATGGCTTGTCTATTAAAA	ACCCGGCT	2898
Q	3103	GGTAGC	GAACANATCCAA	TGCGGTGCTGATGGCGTGAAGTTTGCC	AAGTTATATTAAT	3162	
D	2899	AGTAAC	GAACCAATCCAA	TGCGGTGCTGATGGCGGTGAAGTTTGCC	AAGTTATATTAAT	2955	
Q	3163	GGTGT	TTGATGGTGGCGATTTGATGGCA	AACTCGCATTTACAGATGAAT	TGGCTTT	3222	
D	2956	GGTAATT	CAAGACCTGGCGATTGATGGCA	AAACCCGATATACCAAAATCAAA	TATGGCTTT	3015	
Q	3223	ACTGG	ACTAAATGGGCTACTTTGAT	TAAGCAAAACCCCACTTAAGCA	AAAAAC	3273	
D	3016	ACTGG	GGCTAAATGGGCTACTTTGAT	TAAGCAAAACCCCACTTAAGCA	AAAAAC	3075	
Q	3274	-----	-----	GGCATTTACG	CGGTGTAAAAAGATTACCAAC	3306	
D	3076	GTGGG	TGAAGTTGAATTTACCA	AACTGGCTTAATACGCGAGGTGTAAAAAGATTACCAAC		3135	
Q	3307	ATTCA	TATCAGGTGATTTGCCAAAAAC	AGCCATGATGGCTGTGCACAGCGCGCAAGATT	TTAT	3366	
D	3136	ATTCA	TATCAGGTGATTTGAATTTAC	CAAAACACCAATGATGGCTGTGCACAGCGCGTGGGTTTAT		3195	
Q	3367	GATTT	AAAAACCGAATTTGAAAAA	AAATACACAGTACGCCAAAAACACACAA	ACTCA	3426	
D	3196	GATTT	AAAAACCGAATTTGAAAAA	AAATACACAGTACGCCAAAAACACACAA	ACTCA	3255	
Q	3427	TTACA	GGAATTCAGTAGACATGACA	GAAGGTAATTAACGTTTACGTTAGTAA	ACCTTAC	3486	
D	3256	TTACA	GGAATTCAGTAGACATGACA	GAAGGTAATTAACGTTTACGTTAGTAA	ACCTTAC	3315	
Q	3487	TTCA	GTTATGACACCTCAAA	AGACTCTGTATGTATCATCACTTTTGACAGGTGAAA	ACGCATT	3546	
D	3316	TTCA	GTTATGACACCTCAAA	AGACTCTGTATGTATCATCACTTTTGACAGGTGAAA	ACGCATT	3375	
Q	3547	ACCAC	CAAGGTAAATTAAGGTGGG	GGCGTGGGCACTTGACAAACCAAA	AGGCTTAAC	3606	
D	3376	ACCAC	CAAGGTAAATTAAGGTGGG	GGCGTGGGCACTTGACAAACCAAA	AGGCTTAAC	3435	
Q	3607	ACGCT	TAAAGCTGACCGTGGGTAA	TATATATGAGCAAAAGGCAATTGTCTAGAC	AGCCAAAT	3666	
D	3436	ACGCT	TAAAGCTGACCGTGGGTAA	TATATATGAGCAAAAGGCAATTGTCTAGAC	AGCCAAAT	3495	
Q	3667	GGTCA	AAATACCATCACAGGACT	TAGCAACACTCTAGCTAATGTTACCA	TGATTAAGGT	3726	
D	3496	GGTCA	AAATACCATCACAGGACT	TAGCAACACTCTAGCTAATGTTACCA	TGATTAAGGT	3549	
Q	3727	ACGCT	ACGACACAGAACAGGCA	TATATATCAAAAGAGAACAAACCCGTGG	CGCG	3786	
D	3550	GGTGA	CGGACACGACTTAAGCC	AAAGGGCTTGCATTAAGACACGCAAAACCCGTGG	CGCG	3609	
Q	3787	ACCAT	TGTGATGTGTAGCGCAG	AGCTTTAACTTGCACAGCAATGTGAAGCGGTTGAC		3846	
D	3610	ACCAT	TGTGATGTGTGTAAAC	CGCAGCTTTAACTTGCACAGCAATGTGAAGCGGTTGAC		3669	
Q	3847	TTTGT	CTCCACTTATGACACCG	CTCACTTGGCGATGGCAATGCCACCA	CCGCTAAGTG	3906	
D	3670	TTTGT	CTCCACTTATGACACCG	CTCACTTGGCGATGGCAATGCCACCA	CCGCTAAGTG	3729	
Q	3907	ACCT	ATGATGACACAGCAAA	ACCCAGCTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGATGATACA		3966	
D	3730	ACCT	ATGATGACACAGCAAA	ACCCAGCTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGATGATTA		3789	
Q	3967	ACCAT	TGAAGTTAA	---GATAAAAACCTGGCGTAAAAACCA	CCGCAATTTGACCACTACT	4023	
D	3790	ACCAT	TGAAGTTACAGTATTA	AAAAACCTTTGGCGTAAAAACCA	CCGCACTGACCAAAABA	3849	
Q	4024	GGCACA	GGTCTAATTAATTTTCC	CTTAAGCAATCAAGTACTACGCGATGCGCTGTCAAG		4083	
D	3850	AGTGC	TAATGTGAATGCA	---ACCAAAATTTAGTGGCCCGGATGGGATGGCCCTTTGTA	AA	3906	
Q	4084	GCCAG	TGATATGTTGCTCAT	TATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAA	ACTGCCAAAGG	4143	
D	3907	GCCAG	TGATATGCCACCCAT	CTAATTAATCTGGTGGCGGACATCCAA	ACTGCCAAAGG	3966	

OY	4144	GAAGCCAAACGAAACAACCTAGCAGGCGCTAATGTGATGCTGATATGGCAATTAAGGTATCTAT	4203
Db	3967	GCAAGGCCAAACGACGAGCTGACGAAGCTATGTGATGCTGTATGGCAACAGGTATCTAT	4026
OY	4204	GACAGTACCCATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAAATGATGGCACAAGTATGATTAACAACAA	4263
Db	4027	GACAGTACCGATTAAGAAGTACTATCAAGTCAATACAAAGGTCAAGTGTGACAAAAACAA	4086
OY	4264	GAAGTTGGCCAAAGACAACACTGTGTGCCCAAGCCCAAAACCAGATGGCACATTGGCTCAA	4333
Db	4087	GAAGTTGCCAAAGACAACACTGTGTGCCCAAGCCCAAAACCAGATGGCACATTGGCTCAA	4146
OY	4324	ATGAATGTCAAAATCAGTGCATTAACAAAGCAAGTAATGATGGCAATTAATAACCAAGGC	4383
Db	4147	ATGAATGTCAAAATCAGTGCATTAACAAAGCAAGTAATGATGGCAATTAATAACCAAGGC	4206
OY	4384	ATCAATGAAGACAACAGCGCTTTGTTAAAGCACTTGAAAGAGCGCGCTTCTGATTAACAAAC	4443
Db	4207	ATCAATGAAGACAACAGCGCTTTATCAAAAGGCGCTTGAAAGCGGCCCAAGACACCAAAAC	4266
OY	4444	AAAAAGCGCGCAATTAAGTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGCCCAACACGCGTACCTTT	4503
Db	4267	AAAAAGCGCGCAATTAAGTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGCCCAACACGCGTACCTTT	4326
OY	4504	GCAGGGGATACAGAGCAACAGCGCTAAAAAAATGGCGCAGACTTGACATCAAAAGTGGG	4563
Db	4327	GCAGGGGATACAGGCAACAGCGCTAAAAAAATGGCGCAGACTTTGACATCAAAAGTGGG	4386
OY	4564	CAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGATGGC	4623
Db	4387	CAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGATGGC	4446
OY	4624	TTTCACGTCAAACTTGTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGCAC	4683
Db	4447	TTTCACGTCAAACTTGTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGCAC	4506
OY	4684	AAAAATGATGACAAGGCGGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGGCCAAAGCAACAC	4743
Db	4507	AGAAATGATGAAGAAAGGCAATCTCTTTTGTAGACGCAAAAGGTCAAGGCCAAAGCAACAC	4566
OY	4744	CCTGTGCTTAAGTGGCCAAATGGGCGTGACCTGGTGGC-----	4779
Db	4567	CCTGTGCTTAAGTGGCCAAATGGGCGTGACCTGGTGGC-----	4626
OY	4780	-----	4779
Db	4627	GCTGTGATGATTAACGATGCGGTGAACCTTTAAGCAGTTTAATGAAGTTGCCAAAACGGTC	4686
OY	4780	-----	4779
Db	4687	AACAACCTTAACAACAACAAAGTAACCTCAGGCGGTCAATACCCTTTTGTGTAAACGATGGC	4746
OY	4780	-----	4779
Db	4747	AATGGCAAGCCCATCAATGAGCACCGATGGCAAGCCCCAAAAGCAATCAAGGGCGCGAT	4806
OY	4780	-----	4779
Db	4807	GGTAAATACTATCAGCCCAACGCCCAAGCGCGTAACCTGTGGACAAGATGGCAAGCCCATC	4866
OY	4780	-----	4779
Db	4867	ACCGATGGGACAAACTTTCGCATATCTGGGACGTCAATGGCAAAACCCCTTGATGCAAGGTAT	4926
OY	4780	-----	4779
Db	4927	CAAGTGTGGCAAGCCTAAGGCGCACTGATGCCATCAACCTTAACCAACATCAAGTCC	4986
OY	4780	-----	4779
Db	4987	ACTTGGCAACAATTGACACACCAACACAGGTAATGGCAATGCAAGGCAAGGCCAAAGT	5046

QY	4780	-----	1	4779
Db	5047	CTGCCAGCCTATACAGACAGACGAAAGTAATGCTGCCAGTGTCAAAGATGTGCTAAAT	5106	
QY	4780	-----	4779	
Db	5107	GTAAGCTTTAACTTGCAGACCAATCACAATCAAGTGGACTTTGTCAAAGCCTATGATACC	5166	
QY	4780	-----	4779	
Db	5167	GTCACCTTTGTCAATGTGTACAGTGCCTGCCGACATCACAAAGGTGCGTATGTCTGATGGCACG	5226	
QY	4780	-----	4779	
Db	5227	ATGAGTAACATCACCGTCAACACCGCCTTAGCAGCGACCGATGATGATGGCAATGTGCTT	5286	
QY	4780	-----	4779	
Db	5287	ATCAAGCCAAAGATGTGAAGTTCTACAAGACAGACGACCTGATGCCAAACGGCTCAGTA	5346	
QY	4780	-----	4779	
Db	5347	AAAGCAGCAATACACCGCAGTGTGCAAAACTCCAACTGCTGTAAAGCTTTGTTAAACCC	5406	
QY	4780	-----	4779	
Db	5407	AATGCTGTAAAGGACAGTACAGGCGATGCGATGGCTTAAATACTTATCAAAAGCGGTA	5466	
QY	4780	-----	4779	
Db	5467	TTTTAATCCAAAGATGTACAACTACTACACAGTAAGCTGTGATGGCATAGTATCCAA	5526	
QY	4780	-----	4785	
Db	5527	GGCAAGATTAACAGACAGCATCAACCTTAACCAAAAGATGGCTCAATGTAGGCGGTAAAGTC	5586	
QY	4786	ATCAGTATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAC	4845	
Db	5587	ATCAGCAATGTGGGTAAAGGACAAAGACACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAC	5646	
QY	4846	GAAGTACGCAACTGTGGGTCTTGGTAAATGCTGTAATGATAAGCGTAGCGGCANTAG	4905	
Db	5647	GAAAGTACGCAACTGTGGGTCTTGGTAAATGCTGTAATGATAAGCGTAGCGGCANTAG	5706	
QY	4906	GTAACATTTGCCGACATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTCTCATCAACCGCACTGTC	4965	
Db	5707	GTAACATTTGCCGACATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTCTCATCAACCGCACTGTC	5766	
QY	4966	ATCAAAAGCAGCAGCGTACTTGGCGGTAAAGTAATACGATACCGAAAACTTCCACT	5025	
Db	5767	ATCAAAAGCAGCAGCGTACTTGGCGGTAAAGTAATACGATACCGAAAACTTCCACT	5826	
QY	5026	GSTGTATTCAGATGGGCGCTGTGATAAGACGGCAACGGTAACGGGATTTAAGCAATGTT	5085	
Db	5827	GSTGTATTCAGATGGGCGCTGTGATAAGACGGCAACGGTAACGGGATTTAAGCAATGTT	5886	
QY	5086	TGGGTCAAAAACCCAAAAGATGGACAAAAGAGCCCTGTCCCACTTATTAACGCCGCA	5145	
Db	5887	TGGGTCAAAAACCCAAAAGATGGACAAAAGAGCCCTGTCCCACTTATTAACGCCGCA	5946	
QY	5146	GCTCAGACCACTATTTTGACCAACAACCCCGCAGAACCCATTGACAGATTAATAGACAA	5205	
Db	5947	GCTCAGACCACTATTTTGACCAACAACCCCGCAGAACCCATTGACAGATTAATAGACAA	6006	
QY	5206	GCTATTCGGTTTTCATATGTCAAGATGGCAATCAAGAGCCGTGTGTAACAGGGCGTAAAC	5265	
Db	6007	GCTATTCGGTTTTCATATGTCAAGATGGCAATCAAGAGCCGTGTGTAACAGGGCGTAAAC	6066	
QY	5266	GGCATTGACCTCAAGTGCCTCAGAGCAGAGCACTCAGTGGGATAGTTTCAGAGCCAAAGCA	5325	
Db	6067	GGCATTGACCTCAAGTGCCTCAGAGCAGAGCACTCAGTGGGATAGTTTCAGAGCCAAAGCA	6126	
QY	5326	GATGTGTAAGCCCGCTTTGCCATAGGACAGCAAAACCAAGACAGGCACCAATTCATCGCC	5385	

Db	6127	GATGGTGAAGCGCGCGTTGGCATAGCGAGCAAAACCCAGGAGGCAACCATTCATCCG	6186
QY	5386	ATCGGTGATTAACGACAAAGCCACGGGGCGATCAATCCATCGCCATCGTACAGGCAATGTG	5445
Db	6187	ATCGGTGATTAACGACAAAGCCACGGGGCGATCAATCCATCGCCATCGTACAGGCAATGTG	6246
QY	5446	GTACAGGTAAAGCACTCTGGTGGCATCGGCGGCAACCCAACTGTTAAAGCGATTAACAGT	5505
Db	6247	GTAAACAGGTAAAGCACTCTGGTGGCATCGGCGGCAACCCAACTGTTAAAGCGATTAACAGT	6306
QY	5506	TACAGTGGGGTAAATTAACACACAGTTTACCGATGGCATCGCAATCCAAACCGATGCTTGGTGTG	5565
Db	6307	TACAGTGGGGTAAATTAACACACAGTTTACCGATGGCATCGCAATCCAAACCGATGCTTGGTGTG	6366
QY	5566	GGCAATAACATCACCGTGACCGGAAAGTAACCTCGGTTAGCTTACCAACTCTGGCATC	5625
Db	6367	GGCAATAACATCACCGTGACCGGAAAGTAACCTCGGTTAGCTTACCAACTCTGGCATC	6426
QY	5626	AGTGCAGGCACACACAGCGACACACAGCCAAATAATGTACGGGACAGAGGTACAAAC	5685
Db	6427	AGTGCAGGCACACACAGCGACACACAGCCAAATAATGTACGGGACAGAGGTACAAAC	6486
QY	5686	ACCAACAGCAGGTGCAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGGTGGCAAAAGCGGGTTGGTGGG	5745
Db	6487	ACCAACAGCAGGTGCAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGGTGGCAAAAGCGGGTTGGTGGG	6546
QY	5746	GTTCTCCGTGGGTGCTCTCAGGTGCTGTAACGCCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTC	5805
Db	6547	GTTCTCCGTGGGTGCTCTCAGGTGCTGTAACGCCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTC	6606
QY	5806	AGTGCACACACACACCGATGCGGTCATGTGTAGCCAGCTTGTACAAAGCCAAACCAACGATT	5865
Db	6607	AGTGCACACACACACCGATGCGGTCATGTGTAGCCAGCTTGTGTACAAAGCCAAACCAACGATT	6666
QY	5866	GCCAAACGCAACCAATGACCTTGACCATGTATCCACCAACCAAGAAATTAAGGCCAATGCA	5925
Db	6667	GCCAAACGCAACCAATGACCTTGACCATGTATCCACCAACCAAGAAATTAAGGCCAATGCA	6726
QY	5926	GGGATTTTCATCAGCGGATGGCGATGGCGTCATGCGCACAAAGCCTATATTCCTGGCAGATCC	5985
Db	6727	GGGATTTTCATCAGCGGATGGCGATGGCGTCATGCGCACAAAGCCTATATTCCTGGCAGATCC	6786
QY	5986	ATGCTTACCGGGGGTATTGTCCACCCACCAAGGTCAAGGTGGGTGGCAGTGGGACTGTG	6045
Db	6787	ATGCTTACCGGGGGTATTGTCCACCCACCAAGGTCAAGGTGGGTGGCAGTGGGACTGTG	6846
QY	6046	AAGCTGCGGATTAATGGTCATAGGGTATTTAATCATAGGTTGACGGCATPACCAAGC	6105
Db	6847	AAGCTGCGGATTAATGGTCATAGGGTATTTAATCATAGGTTGACGGCATPACCAAGC	6906
QY	6106	CATGTAGGGGCGGCGAGTGTGTGACAGTTTACTTT	6141
Db	6907	CATGTAGGGGCGGCGAGTGTGTGACAGTGTTCACTTT	6942
RESULT 14			
LOCUS	AX079959	2448 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 47 from Patent WO0107619.	Linear	PAT 22-FEB-2001
ACCESSION	AX079959		
VERSION	AX079959.1	GI:13159466	
KEYWORDS	Moraxella catarrhalis.		
SOURCE	Moraxella catarrhalis.		
ORGANISM	Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;		
REFERENCE	1 (bases 1 to 2448)		
AUTHORS	Loomis,S.M., Sasaki, K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.		
TITLE	Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of moraxella		
JOURNAL	Patent: WO 0107619-A 47 01-FEB-2001;		
	CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)		

FEATURES	Location/Qualifiers
SOURCE	1..2448 /organism="Moraxella catarrhalis" /db_xref="taxon:480"
BASE COUNT	826 a 569 c 556 g 497 t
ORIGIN	
Query Match	39.9%; Score 2448; DB 6; Length 2448;
Best Local Similarity	100.0%; Prid. No. 0;
Matches 2448:	Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 3010	GGTACGGTTACTCTTGGGATTAAACCCAGCGGCTTTAAAGCGGGCAAAAAGCACCCCTA 3069
Db .1	GGTAGGGTTACCTTTGGCATTTACACCACAMCGGCTCTTAAGCCGGCAAAAGCACCTTA 60
QY 3070	AACGACGGTGCGCTTCCTATTTAAAAAACCCCACTGGTAGCGAACAATCCAACTCGGGTGT 3129
Db 61	AACGACGGTGGCTGTCTATTTAAAAAACCCCACTGGTAGCGAACAATCCAACTCGGGTGT 120
QY 3130	GATGGCGTGAAGTTTGCACAGGTTATATAATATGCTGTTGTAAGTCTGGCATTTGATGGC 3189
Db 121	GATGGCGTGAAGTTTGCACAGGTTATATAATATGCTGTTGTAAGTCTGGCATTTGATGGC 180
QY 3190	ACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACATAAGGCTCACTTATATAA 3249
Db 181	ACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACATAAGGCTCACTTATATAA 240
QY 3250	AGCAAACCCCACTTACAGAAGACGCGCATTTAACGAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATT 3309
Db 241	AGCAAACCCCACTTACAGAAGACGCGCATTTAACGAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATT 300
QY 3310	CAATCAGGTGAGATTGCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAGATTATGAT 3369
Db 301	CAATCAGGTGAGATTGCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAGATTATGAT 360
QY 3370	TTTAAACCGGAACCTGSAANAACAAATTCAGCGTACTGGCCAANAACGCAAAACATTA 3429
Db 361	TTTAAACCGGAACCTGSAANAACAAATTCAGCGTACTGGCCAANAACGCAAAACATTA 420
QY 3430	CACGATTCCTCAGTAGAGACAGATGACNAGAGTATACTTTACGGTTAAGTAACCTTACTCC 3489
Db 421	CACGATTCCTCAGTAGAGATGACNAGAGTATACTTTACGGTTAAGTAACCTTACTCC 480
QY 3490	AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTATCACCTTTGGCAGGTGAAGACGGCATTTACC 3549
Db 481	AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTATCACCTTTGGCAGGTGAAGACGGCATTTACC 540
QY 3550	ACCAAAGTAATTAAGAGTGTGGTGGTGGSCATTGACCAACCAAGAGCTTAACCCAG 3609
Db 541	ACCAAAGTAATTAAGAGTGTGGTGGTGGSCATTGACCAACCAAGAGCTTAACCCAG 600
QY 3610	CCTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATATGAGCAAGGCACTTGTCTATGACAGCCAAATGGT 3669
Db 601	CCTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATATGAGCAAGGCACTTGTCTATGACAGCCAAATGGT 660
QY 3670	CAAAATACCATCACAGGACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGATTAAGGTAGC 3729
Db 661	CAAAATACCATCACAGGACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGATTAAGGTAGC 720
QY 3730	GTAGCGACACACAGAACAGGCGCAATTAATCAAAAGACGAAGACAAAAACCGTCGCCACAGC 3789
Db 721	GTAGCGACACACAGAACAGGCGCAATTAATCAAAAGACGAAGACAAAAACCGTCGCCACAGC 780
QY 3790	ATTGTTGATGTGCTTAAGGCGAGGCTTTTAACCTGCAAGGCAATGTGAAGCGGTTACATT 3849
Db 781	ATTGTTGATGTGCTTAAGGCGAGGCTTTTAACCTGCAAGGCAATGTGTGAAGCGGTTACATT 840
QY 3850	GTTCTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGCAATGCCACCAACCGCTTAAGGTAGC 3909
Db 841	GTTCTCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGCAATGCCACCAACCGCTTAAGGTAGC 900
QY 3910	TATGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGGTCTATGATGTAAATGTGATATACACC 3969

```

Db 901 TANGATGACACAGCAAAACCCAGTAAAGTGCTATGATGTCATGTGATGATACAAACC 960
Qy 3970 ATTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGGTAAACCAACCATGAGGAGTACTGGCACA 4029
Db 961 ATTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGGTAAACCAACCATGAGGAGTACTGGCACA 1020
Qy 4030 GGTGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCAGTGGCTTGTCAAGGCCAGT 4089
Db 1021 GGTGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCAGTGGCTTGTCAAGGCCAGT 1080
Qy 4090 GATATGCTTCTCATCTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGGCAAGGGGCAAGC 4149
Db 1081 GATATGCTTCTCATCTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGGCAAGGGGCAAGC 1140
Qy 4150 CAAGCGAACACTAGCAGAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAAGGTCATCTATGACAGT 4209
Db 1141 CAAGCGAACACTAGCAGAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAAGGTCATCTATGACAGT 1200
Qy 4210 ACCGATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAATGATGGCAGTGAATAAACCAAGAAAGTT 4269
Db 1201 ACCGATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAATGATGGCAGTGAATAAACCAAGAAAGTT 1260
Qy 4270 GCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTTGGCTCAATGAAT 4329
Db 1261 GCCAAAGACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTTGGCTCAATGAAT 1320
Qy 4330 GTCAAAATCAGTCTATTACAAGAACAAGTAATGATGCCAATAAAAAAGCAAGGCATCAAT 4389
Db 1321 GTCAAAATCAGTCTATTACAAGAACAAGTAATGATGCCAATAAAAAAGCAAGGCATCAAT 1380
Qy 4390 GAAGACAGAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAATAAGCCGCTTCTATTAACAAACCAAAAC 4449
Db 1381 GAAGACAGAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAATAAGCCGCTTCTATTAACAAACCAAAAC 1440
Qy 4450 GCCGAGTAACTGTGGGTATTAAATGCGCTTGGCCCAACACCCGCTGACCTTTGGCAGG 4509
Db 1441 GCCGAGTAACTGTGGGTATTAAATGCGCTTGGCCCAACACCCGCTGACCTTTGGCAGG 1500
Qy 4510 GATACAGGACAAAGCGCTTAATAAACTGGGCGAGACTTTGACATCAATCAAGGTGGCAACA 4569
Db 1501 GATACAGGACAAAGCGCTTAATAAACTGGGCGAGACTTTGACATCAATCAAGGTGGCAACA 1560
Qy 4570 GACACCAATTAAGCTAATCCGATATAATCATCGGTGTGAGCAAGGTCTGATGGCTCACT 4629
Db 1561 GACACCAATTAAGCTAATCCGATATAATCATCGGTGTGAGCAAGGTCTGATGGCTCACT 1620
Qy 4630 GTCAAACTTGCACAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGGCTTAATGACAGTGGCAACAAAT 4689
Db 1621 GTCAAACTTGCACAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGGCTTAATGACAGTGGCAACAAAT 1680
Qy 4690 GATGACAAAGGGGTGCTTTGTTAGACTCAAGCGGTCAAGGCCAAACACCCCTGTG 4749
Db 1681 GATGACAAAGGGGTGCTTTGTTAGACTCAAGCGGTCAAGGCCAAACACCCCTGTG 1740
Qy 4750 CTAAGTGCCTAATGGGCTGAGCTGGGTGGCAAGTCAATAGTAAATGTGGGCAAGGACACA 4809
Db 1741 CTAAGTGCCTAATGGGCTGAGCTGGGTGGCAAGTCAATAGTAAATGTGGGCAAGGACACA 1800
Qy 4810 AAAGTACCAGAGCTGCCAATGTACACAGTTAAAGCAAGTACGCAACTGTGTGGGTCTT 4869
Db 1801 AAAGTACCAGAGCTGCCAATGTACACAGTTAAAGCAAGTACGCAACTGTGTGGGTCTT 1860
Qy 4870 GGTATGCTGGTAAATGATTAAGCCTAAGCGCAATCAGGTAACATTTGCCGACATCAAAAAA 4929
Db 1861 GGTATGCTGGTAAATGATTAAGCCTAAGCGCAATCAGGTAACATTTGCCGACATCAAAAAA 1920
Qy 4930 GAACCAAAATTCAGGTTCAATCTAACCGCACTGTCAATCAAGGAGGACAGGTAAGTGGC 4989
Db 1921 GAACCAAAATTCAGGTTCAATCTAACCGCACTGTCAATCAAGGAGGACAGGTAAGTGGC 1980
Qy 4990 GGTAAAGTAAATACGATACGCAAAAACTGGCAGTGTGTATTAACAAGTGGCGCTGAT 5049
Db 1981 GGTAAAGTAAATACGATACGCAAAAACTGGCAGTGTGTATTAACAAGTGGCGCTGAT 2040

```

```

Qy 5050 AAAGCGGCAACGCTAACGGCGATTAAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGC 5109
Db 2041 AAAGCGGCAACGCTAACGGCGATTAAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGC 2100
Qy 5110 AGCAAAAAAGCCGCTGGCTGCGCACTTAATACGGCGGAGGTTCAGACCAACTATTGGACCAAC 5169
Db 2101 AGCAAAAAAGCCGCTGGCTGCGCACTTAATACGGCGGAGGTTCAGACCAACTATTGGACCAAC 2160
Qy 5170 AACCCGCGAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAAC 5229
Db 2161 AACCCGCGAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAAC 2220
Qy 5230 GATGGCAATCAAGAGCCTGGGTGACAGAGGCGGTAAACGGCATTTGACTCAAGTGGCTCAGGC 5289
Db 2221 GATGGCAATCAAGAGCCTGGGTGACAGAGGCGGTAAACGGCATTTGACTCAAGTGGCTCAGGC 2280
Qy 5290 AAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAAGGCGAGATGGTGAAGCCGCTGGCATA 5349
Db 2281 AAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAAGGCGAGATGGTGAAGCCGCTGGCATA 2340
Qy 5350 GGCAGCAAAACCCAGCAGGCAACCAATCATCGCATCGGTGATTAAGCAGACAGCAGC 5409
Db 2341 GGCAGCAAAACCCAGCAGGCAACCAATCATCGCATCGGTGATTAAGCAGACAGCAGC 2400
Qy 5410 GGCAGTCAATCCATCGCATCGGTGACAGGCAATGGTGTGACAGGTAAAG 5457
Db 2401 GGCAGTCAATCCATCGCATCGGTGACAGGCAATGGTGTGACAGGTAAAG 2448

```

```

RESULT 15
AR181429
LOCUS AR181429
DEFINITION Sequence 29 from patent US 6335182.
ACCESSION AR181429
VERSION AR181429.1 GI:20223643
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 3030)
AUTHORS Loosmore,S.M., Yang,Y.,Ping, and Klein,M.H.
TITLE Recombinant Haemophilus Influenzae adhesin proteins
JOURNAL Patent: US 6335182-A 29 01-JAN-2002;
FEATURES
source 1..3030
BASE COUNT 965 a 596 c 786 g 683 t
ORIGIN

```

```

Query Match 2.4%; Score 146.2; DB 6; Length 3030;
Best Local Similarity 58.4%; Pred. No. 9.7e-22;
Matches 281; Conservative 0; Mismatches 188; Indels 12; Gaps 1;

```

```

Qy 5659 AATTTGACGCGACAGCGATGACACCAACAGCAGGTGCAACCGGTAAAGGC 5718
Db 2540 AATTTGATGTGACGCGCGGTGACACTCAACTGCTGGCGCAACGGGTAAACGGC 2599
Qy 5719 TTTGCTGACAAAGCGGCTTGGTGGGCTCCGCTGGGTGCTCAGGTGCTGAACGCCGT 5778
Db 2600 TTTGCGGCTGCAAGCGGCGCCAGGTGCGGTTCTGTGGCGCAAGTGGGGAAGAAAGAGCT 2659
Qy 5779 ATCCAAATATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACACAGCAGCAGATGCGGTCAATGTAGC 5838
Db 2660 ATCCAAATATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACACAGTATGCGATTAAACGGTAGC 2719
Qy 5839 CAGTTTGTCAAAAGCCACCAAGCAATTCGCAAGCACAACCAATGACCTTGACATCGTATC 5898
Db 2720 CAGTTTGTCTGTGGCAAAAGGGGTAAACAAAC-----CTTGTGAGCAAGTG 2767
Qy 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCAAGGATTTTCATCAGAGATGGGATGGCTCCATG 5958
Db 2768 AATTAAGTGGCAAAACGTGACGATGCAAGGTACAGCAAGTGCATTAGCGGCTTACACAGTTA 2827

```

```
QY 5959 CCACAGCCTACATTCCTGCGACATGCTTACCGGGGTATTTGCCACCCACAACGCT 6018
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2828 CCACAGCCTCTATGCCAGGTAAATCAATGTTTCTATTGCGGAAGTACTTATCAAGGT 2887
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6019 CAAGGTGCGGTGCGACTGCGACTGCGAAGCTGCGATTAATGTCATGCTATTAA 6078
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2888 CAAGGTGTTTACGTATCGGGGTATCAAGATTTCCGATTAATGCAAGTATTTCGC 2947
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6079 ATCAATGGTTCAGCCCATACCCAGGCCATGTAGGGCGGCAGTTGTCAGGTTTCAC 6138
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2948 TTGTCAGGCACCAACCAATAGCAAGGTAAACAGCGCTTGACAGAGGTGTTGGTTACAG 3007
      ||||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6139 T 6139
      |
Db 3008 T 3008
```

Search completed: March 16, 2003, 17:04:49
Job time : 10517.6 secs

GenCore version 5.1.4.p5.4578
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 16, 2003, 23:26:03 ; Search time 123.167 Seconds
(without alignments)
15290.693 Million cell updates/sec

Title: US-09-361-619-6
Perfect score: 6141
Sequence: 1 atgaatcacatataaagt.....ttggtgcagtttcactt 6141

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 441362 seqs, 153338381 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 882724

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : Issued_Patents_NA.*
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A.COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B.COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A.COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B.COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PC10S.COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfillseq1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	6130	99.8	6973	1	US-08-478-370-1
2	6130	99.8	6973	4	US-08-483-855C-1
3	6130	99.8	6973	4	US-08-621-944A-1
4	6130	99.8	6973	4	US-08-945-567D-1
5	6119	99.6	6975	4	US-08-431-718C-1
6	5976	97.3	5976	4	US-08-621-944A-2
7	5976	97.3	5976	4	US-08-945-567D-2
8	3924.6	63.9	9542	4	US-08-968-685A-9
9	146.2	2.4	3030	4	US-09-268-347-29
10	144.6	2.4	3036	4	US-09-268-347-23
11	83.6	1.4	2037	4	US-08-913-942-14
12	82.8	1.3	3294	1	US-08-409-995-1
13	82.8	1.3	3294	3	US-08-685-467-1
14	82.8	1.3	3294	4	US-08-913-942-1
15	82.8	1.3	3294	4	US-09-268-347-43
16	82.6	1.3	6091	4	US-09-453-702B-200
17	82	1.3	2079	4	US-09-268-347-25
18	76.6	1.2	1812	4	US-09-268-347-37
19	76.4	1.2	3300	4	US-09-268-347-31
20	76.4	1.2	7253	4	US-09-268-347-35
21	76.4	1.2	7291	4	US-08-913-942-3
22	64.8	1.1	5738	1	US-08-409-995-3
23	64.8	1.1	5738	3	US-08-685-467-3
24	60	1.0	60	1	US-08-478-370-4
25	60	1.0	60	4	US-08-431-718C-4
26	60	1.0	60	4	US-08-483-855C-4
27	60	1.0	60	4	US-08-621-944A-7

28	60	1.0	60	4	US-08-945-567D-7	Sequence 7, Appl
29	58.4	1.0	1797	4	US-09-377-155-12	Sequence 12, Appl
30	58.4	1.0	1797	4	US-09-669-974-12	Sequence 12, Appl
31	56.8	0.9	1797	4	US-09-377-155-4	Sequence 4, Appl
32	56.8	0.9	1797	4	US-09-669-974-4	Sequence 4, Appl
33	56	0.9	2643	4	US-09-453-702B-40	Sequence 40, Appl
34	55.2	0.9	1770	4	US-09-377-155-18	Sequence 18, Appl
35	55.2	0.9	1770	4	US-09-669-974-18	Sequence 18, Appl
36	55.2	0.9	1776	4	US-09-377-155-10	Sequence 10, Appl
37	55.2	0.9	1776	4	US-09-377-155-20	Sequence 20, Appl
38	55.2	0.9	1776	4	US-09-669-974-10	Sequence 10, Appl
39	55.2	0.9	1776	4	US-09-669-974-20	Sequence 20, Appl
40	55.2	0.9	1779	4	US-09-377-155-3	Sequence 3, Appl
41	55.2	0.9	1779	4	US-09-669-974-3	Sequence 3, Appl
42	55.2	0.9	2308	4	US-09-377-155-1	Sequence 1, Appl
43	55.2	0.9	2308	4	US-09-669-974-1	Sequence 1, Appl
44	53.8	0.9	7218	1	US-08-232-463-14	Sequence 14, Appl
45	53.6	0.9	1785	4	US-09-377-155-6	Sequence 6, Appl

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-08-478-370-1
; Sequence 1, Application US/08478370
; Patent No. 5808024
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: SASAKI, Ken
; APPLICANT: HARKNESS, Robin E.
; APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.
; APPLICANT: KLEIN, Michel H.
; TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER
; NUMBER OF SEQUENCES: 4
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: Sim & McBurney
; STREET: Suite 701, 330 University Avenue
; CITY: Toronto
; STATE: Ontario
; COUNTRY: Canada
; ZIP: M5G 1R7
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/478,370
; FILING DATE: 07-JUN-1995
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Stewart, Michael I
; REGISTRATION NUMBER: 24,973
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 1038-502
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (416) 595-1155
; TELEFAX: (416) 595-1163
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 6973 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; US-08-478-370-1

Query Match          99.8%; Score 6130; DB 1; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;
```

QY 1 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTTAACAAAGCAGACACATTTATGCGAGTGGA 60
|||||
Db 542 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTTAACAAAGCAGACACATTTATGCGAGTGGA 601

OY	61	GAGTACGGCAAAATCCCAAGACAC - GGGGGGGGGAGTACGTGTGCTACAGAGGCACAGTTGGACG	119
Db	602	GAGTACGGCAAAATCCCAAGACACGGGGGGGGGGAGTGTGTCTACAGAGGCACAAATTTGGACG	661
OY	120	TGTATGCACTGTGAGACCTTTGGCCCTAATTTGGCGCGCTGCTGTCTCGTGTATCGGTGCAC	179
Db	662	TGTATGCACTGTGAGACCTTTGGCCCTAATTTGGCGCGCTGCTGTCTCGTGTATCGGTGCAC	721
OY	180	GCTAGTGGCAGTGTATATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTAACA	239
Db	722	GCTAGTGGCAGTGTATATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTAACA	781
OY	240	AAACGAGCAGAGCGTCAGGCACTGGCAAGGCGGAGGTGATCGAGCCATTGCTATTGG	299
Db	782	AAACGAGCAGAGCGTCAGGCACTGGCAAGGCGGAGGTGATCGAGCCATTGCTATTGG	841
OY	300	TGAAAAATCTTAAGCAGGCGGCTCAAGCCATGGCCATGGTAGTAAATAAACTGT	359
Db	842	TGAAAAATCTTAAGCAGGCGGCTCAAGCCATGGCCATGGTAGTAAATAAACTGT	901
OY	360	CAATGGAAGCAGTTTGGATAAGATAGGTACCGATGCTAAGGGGTCAAGAGTCCATCGCAT	419
Db	902	CAATGGAAGCAGTTTGGATAAGATAGGTACCGATGCTAAGGGGTCAAGAGTCCATCGCAT	961
OY	420	CGGTGTATATTAAGGCTAGTGGTATGCTCGATTGGCTATGGGTATGTATCTACTTAA	479
Db	962	CGGTGTATATTAAGGCTAGTGGTATGCTCGATTGGCTATGGGTATGTATCTACTTAA	1022
OY	480	TTTGGTTATAGCATGGTATCTTAACAATCCGAAGAGTACTGTATTAACATCTTAT	539
Db	1022	TTTGGTTATAGCATGGTATCTTAACAATCCGAAGAGTACTGTATTAACATCTTAT	1082
OY	540	TAAAGGCCATGCAGTATTTAAAAAAGATACGAAGTCAAGAGTAAATGATTAATATAG	599
Db	1082	TAAAGGCCATGCAGTATTTAAAAAAGATACGAAGTCAAGAGTAAATGATTAATATAG	1142
OY	600	ACGCACACGGCAGGCGGACAGCGCACTACGCGAGTGGGAGCCATGCATATGCACAGGG	659
Db	1142	ACGCACACGGCAGGCGGACAGCGCACTACGCGAGTGGGAGCCATGCATATGCACAGGG	1202
OY	660	TCATTTTTCACACGCTTTTGGTACAGCGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCTTTGGCAGT	719
Db	1202	TCATTTTTCACACGCTTTTGGTACAGCGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCTTTGGCAGT	1262
OY	720	GGGTCTTTCGCCGCACAGGCCAGGCGCAATCTACATTCGTATTGTTCTGATCAACATC	779
Db	1262	GGGTCTTTCGCCGCACAGGCCAGGCGCAATCTACATTCGTATTGTTCTGATCAACATC	1322
OY	780	TAGCTCGTTGGGACGATAGCCCTTTGGGACGAGTACGTGTACAGTACAGGGCAGTAT	839
Db	1322	TAGCTCGTTGGGACGATAGCCCTTTGGGACGAGTACGTGTACAGTACAGGGCAGTAT	1382
OY	840	TGCCCTAGTCAGAGTTCCTGTCTTCACTCAGAGTATTAATTAATTCAGACCGGCCCTATAC	899
Db	1382	TGCCCTAGTCAGAGTTCCTGTCTTCACTCAGAGTATTAATTAATTCAGACCGGCCCTATAC	1442
OY	900	ACCAATATCCCAAGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATTCAGAGCGGGTCC	959
Db	1442	ACCAATATCCCAAGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATTCAGAGCGGGTCC	1502
OY	960	ACTTTCCTTGGTATAGTACTCTATCAACAGTAAATATCATGATGTGGGTGCAGGTCTTAA	1012
Db	1502	ACTTTCCTTGGTATAGTACTCTATCAACAGTAAATATCATGATGTGGGTGCAGGTCTTAA	1562
OY	1020	TAAAAACCATCGGTGCATATGTGCACACGTAGAAGCGGTGTAAAGTGGGCTTAAGAGCG	1072
Db	1562	TAAAAACCATCGGTGCATATGTGCACACGTAGAAGCGGTGTAAAGTGGGCTTAAGAGCG	1622
OY	1080	TAGAAATTACTTTTCAAGGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTGGATATATC	1132
Db	1622	TAGAAATTACTTTTCAAGGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTGGATATATC	1682

QY	1140	TTTAACTTTAAAGSTGTGCAGAGNCCAAACGATTAAACCGATTAAATATTCGTGTGCT	11399
Db	1682	TTTAACTAAATTAAGSTGTGCAGAGCAACGATTAAACCGATTAAATATTCGTGTGCT	17414
QY	1200	AAAAGAGCTATTAATAGTGGTCTGAAAGTTAACTTGCCTAAACCTTAAACAATCTTAC	12599
Db	1742	AAAAGAGCTATTAATAGTGGTCTGAAAGTTAACTTGCCTAAACCTTAAACAATCTTAC	18010
QY	1260	TGAGGTGATACAACTACATTAAATGCCACACACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAG	1319
Db	1802	TGAGGTGATTAACAATCTACATTAAATGCCACACACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAG	18616
QY	1320	TACTACACCTGAATTAATAGTACTATAGTTAACTTACCACGCCCATACAGCAGTCA	13799
Db	1862	TACTACACCTGAATTAATAGTACTATAGTTAACTTACCACGCCCATACAGCAGTCA	19211
QY	1380	AAGCAGCAGCAAAACCGCTATATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACAAATATGCGAAGAC	14399
Db	1922	AAGCAGCAGCAAAACCGCTATATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATATGCGAAGAC	19616
QY	1440	AACAGCAGCAATCGGCACCTACTCGTATTACAGAGATAAAATTTGGCTTTGCTCGAGATGG	14999
Db	1982	AACAGCAGCAATCGGCACCTACTCGTATTACAGAGATAAAATTTGGCTTTGCTCGAGATGG	20411
QY	1500	TGATGTTGATGAAAAACAGCACCATTTTGGATTAAAAAACAATTAAATGGTGGTAGTGT	15599
Db	2042	TGATGTTGATGAAAAACAGCACCATTTTGGATTAAAAAACAATTAAATGGTGGTAGTGT	21010
QY	1560	TGCATTTACCTATACAAATGAGTGGCATTTGTCAGGATATFAAAAAAGATCAGTAATCTTGCCAA	16199
Db	2102	TGCATTTACCTATACAAATGAGTGGCATTTGTCAGGATATFAAAAAAGATCAGTAATCTTGCCAA	21616
QY	1620	AGGTAGCAGTGTCAACGATGCGGTTAACCATCGAACAAGCTCAAAAGCGCCAAACCCCTATT	16799
Db	2162	AGGTAGCAGTGTCAACGATGCGGTTAACCATCGAACAAGCTCAAAAGCGCCAAACCCCTATT	22211
QY	1680	AAAGCAGAGCGCTTGGCATCAAGTGCACACTACTGAAATATATGATTGATGCTAAGATGG	17399
Db	2222	AAAGCAGAGCGCTTGGCATCAAGTGCACACTACTGAAATATATGATTGATGCTAAGATGG	22811
QY	1740	CAATGTTACCGCCCACTTACAACANTGGCGGAAACACCGCAGGCTTAACAGATGAGG	17999
Db	2282	CAATGTTACCGCCCACTTACAACANTGGCGGAAACACCGCAGGCTTAACAGATGAGG	23411
QY	1800	CAGTAGTGAATTTAGTGTTAAGGGTAGGTGACGAACAATAGCTTATAGTTACCCGCGA	18599
Db	2342	CAGTAGTGAATTTAGTGTTAAGGGTAGGTGACGAACAATAGCTTATAGTTACCCGCGA	24010
QY	1860	ACATTTGGCAGGCTATCTAAATGAATGCAATGCAACGCGTGCAGCTGCTTACAAGCTT	19199
Db	2402	ACATTTGGCAGGCTATCTAAATGAATGCAATGCAACGCGTGCAGCTGCTTACAAGCTT	24611
QY	1920	TACCGTTAAAGCAAAACAGATGATGACGCGCAACGCTATACACGCGGCTAAAGATAGCAC	19799
Db	2462	TACCGTTAAAGCAAAACAGATGATGACGCGCAACGCTATACACGCGGCTAAAGATAGCAC	25211
QY	1980	AAAAAATGCGCGCAGTGCAGCATCTTAAAAATCAAAAGGTAAAAAACGCTTAAACGGTTGC	20399
Db	2522	AAAAAATGCGCGCAGTGCAGCATCTTAAAAATCAAAAGGTAAAAAACGCTTAAACGGTTGC	25811
QY	2040	TACCAAAAAAGATGTACGGGTTACTTTGGCGTTAGCCAAAGATAGCGGCTGTGACCATTTGG	20999
Db	2582	TACCAAAAAAGATGTACGGGTTACTTTGGCGTTAGCCAAAGATAGCGGCTGTGACCATTTGG	26411
QY	2100	CAAAAGCACCCTAAACAACAGATGGCTTGATGTTAAAGTTACCAACGAACAAATTCAGAT	27011
Db	2642	CAAAAGCACCCTAAACAACAGATGGCTTGATGTTAAAGTTACCAACGAACAAATTCAGAT	27011
QY	2160	CGGAGCTAATAGGCAATTAATTTACTATATGGAATGGTACTAATCCAGAGTACGGGATTCG	22199
Db	2702	CGGAGCTAATAGGCAATTAATTTACTATATGGAATGGTACTAATCCAGAGTACGGGATTCG	27616
QY	2220	AAATACCGCTGCATTAACGAGATAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGTGCAAGTTGA	22799

|||||
Db 2762 AAATACCGCTGCATTAACGAGATAAATGGCTTGTGCTGCTGATGGTGCAGTTGA 2821
|||
Qy 2280 TACAAACAAACCTTATCTTATCATCAGACAGCTTCAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA 2339
|||||
Db 2822 TACAAACAAACCTTATCTTATCATCAGACAGCTTCAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA 2881
|||
Qy 2340 CACTGGATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGCCCAACACTGCTAGCAT 2399
|||||
Db 2882 CACTGGATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGCCCAACACTGCTAGCAT 2941
|||
Qy 2400 TGGCGATCAAGTAGAGCCGACATAGAACTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAAAATC 2459
|||||
Db 2942 TGGCGATCAAGTAGAGCCGACATAGAACTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAAAATC 3001
|||
Qy 2460 CAACGCTGCCAGCATTTATGATATATTAATACAGGCTTTAACCCTAAATAATTAACAA 2519
|||||
Db 3002 CAACGCTGCCAGCATTTATGATATATTAATACAGGCTTTAACCCTAAATAATTAACAA 3061
|||
Qy 2520 CCCCATGACTTGTGTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 2579
|||||
Db 3062 CCCCATGACTTGTGTGTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 3121
|||
Qy 2580 CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAACAAACCCAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT 2639
|||||
Db 3122 CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAACAAACCCAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT 3181
|||
Qy 2640 GGATGATACAAACCTTATATACAGGCACTGATGACAAATTAATAAACTTGGCGTCAAAAC 2699
|||||
Db 3182 GGATGATACAAACCTTATATACAGGCACTGATGACAAATTAATAAACTTGGCGTCAAAAC 3241
|||
Qy 2700 CACCAACCTGACAAACAGTAGTGTATGTAATACAGCAACTTAACCTTAATGTTAACTC 2759
|||||
Db 3242 CACCAACCTGACAAACAGTAGTGTATGTAATACAGCAACTTAACCTTAATGTTAACTC 3301
|||
Qy 2760 TAGTATGAAGATGCCCTTGTAAAGCCAAAGACATGCCGAAATCTAAACACCTTAGC 2819
|||||
Db 3302 TAGTATGAAGATGCCCTTGTAAAGCCAAAGACATGCCGAAATCTAAACACCTTAGC 3361
|||
Qy 2820 CAAGGAATTCACACCCACCAAGGACAGACAGACCGCCCTAAACCTTACCGTTAA 2879
|||||
Db 3362 CAAGGAATTCACACCCACCAAGGACAGACAGACCGCCCTAAACCTTACCGTTAA 3421
|||
Qy 2880 AAAGGTGATGAATAATATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAACCGTGGTCAAAAGAA 2939
|||||
Db 3422 AAAGGTGATGAATAATATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAACCGTGGTCAAAAGAA 3481
|||
Qy 2940 CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAAAGTGAAGAAAGGCTTTAATATTAAC 2999
|||||
Db 3482 CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAAAGTGAAGAAAGGCTTTAATTAAC 3541
|||
Qy 3000 CGACAAAATGATGATGCTTACCTTGGCATTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGGAA 3059
|||||
Db 3542 CGACAAAATGATGATGCTTACCTTGGCATTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGGAA 3601
|||
Qy 3060 AAGCAACCTTAACAGCGGTGGCTGTCTATTAATAAACCCCACTGGTAGCAAAATCA 3119
|||||
Db 3602 AAGCAACCTTAACAGCGGTGGCTGTCTATTAATAAACCCCACTGGTAGCAAAATCA 3661
|||
Qy 3120 AGTGGTGTGATGGCTGAAGTTGCCAAGTTAATTAATGATGTTGATGATGCTGG 3179
|||||
Db 3662 AGTGGTGTGATGGCTGAAGTTGCCAAGTTAATTAATGATGTTGATGATGCTGG 3721
|||
Qy 3180 CATGATGATGACCACTGGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTACTGGGACATTAATGGCTC 3239
|||||
Db 3722 CATGATGATGACCACTGGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTACTGGGACATTAATGGCTC 3781
|||
Qy 3240 ACTGATTAAGCAACCCCACTAAGCAAGAGAGCGCATTAAGCAGGTGGTAAAGAAAT 3299
|||||
Db 3782 ACTGATTAAGCAACCCCACTAAGCAAGAGAGCGCATTAAGCAGGTGGTAAAGAAAT 3841
|||
Qy 3300 TACCAACATTCATCAGGTGATGTGCCAAGACGCCATGATGCTGACAGGCGGCA 3359
|||||

Db 3842 TACCAACATTCATCAGGTGATGTGCCAAGACGCCATGATGCTGACAGGCGGCA 3901
|||
Qy 3360 GATTATGATTTAAAAAACCAGACTTGAAGAAACAAATCAACGACTGTGCCAATAAGACACA 3419
|||||
Db 3902 GATTATGATTTAAAAAACCAGACTTGAAGAAACAAATCAACGACTGTGCCAATAAGACACA 3961
|||
Qy 3420 AAATCATATACCAATTCCTAGTAGCAGATGAACAAAGTATTAATTAACCTTACGTTAGTAA 3479
|||||
Db 3962 AAATCATATACCAATTCCTAGTAGCAGATGAACAAAGTATTAATTAACCTTACGTTAGTAA 4021
|||
Qy 3480 CCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACTTTGACAGTGAAGA 3539
|||||
Db 4022 CCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACTTTGACAGTGAAGA 4081
|||
Qy 3540 CGGCATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGTGGTGGCATTTGACCAAAACCAAG 3599
|||||
Db 4082 CGGCATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGTGGTGGCATTTGACCAAAACCAAG 4141
|||
Qy 3600 CTTAACACAGGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATTAATTAATGCAAAAGGCAATTCATTTGACAG 3659
|||||
Db 4142 CTTAACACAGGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATTAATTAATGCAAAAGGCAATTCATTTGACAG 4201
|||
Qy 3660 CCAAAATGCTCAAAATACCATCACAGACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA 3719
|||||
Db 4202 CCAAAATGCTCAAAATACCATCACAGACTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA 4261
|||
Qy 3720 TAAAGTGTAGTACGACACCAAGCAAGGCAATTAATCAAGCGAAGCAAAACCG 3779
|||||
Db 4262 TAAAGTGTAGTACGACACCAAGCAAGGCAATTAATCAAGCGAAGCAAAACCG 4321
|||
Qy 3780 TGGCGCCAGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGAAGCAATGTGAAGC 3839
|||||
Db 4322 TGGCGCCAGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGAAGCAATGTGAAGC 4381
|||
Qy 3840 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCATGCAATGCGACACCGC 3899
|||||
Db 4382 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCATGCAATGCGACACCGC 4441
|||
Qy 3900 TAAAGTGTAGTATGATGACACCAAGCAACAGTAAAGTGTGCTTAATGTCATAGTGA 3959
|||||
Db 4442 TAAAGTGTAGTATGATGACACCAAGCAACAGTAAAGTGTGCTTAATGTCATAGTGA 4501
|||
Qy 3960 TGTATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAAAACCCACACATTTGACAG 4019
|||||
Db 4502 TGTATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAAAACCCACACATTTGACAG 4561
|||
Qy 4020 TACTGGCACAGTGTCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCGCTTGT 4079
|||||
Db 4562 TACTGGCACAGTGTCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCGCTTGT 4621
|||
Qy 4080 CAAGGCCAGTGTATGCTTGGCTATCAACACCTTATCTGGCGCATTCACAACTGCCAA 4139
|||||
Db 4622 CAAGGCCAGTGTATGCTTGGCTATCAACACCTTATCTGGCGCATTCACAACTGCCAA 4681
|||
Qy 4140 AAGGGCAAGCCAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAAT 4199
|||||
Db 4682 AAGGGCAAGCCAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAAT 4741
|||
Qy 4200 CTATGACAGTACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAATATGATGCAAGTGTATTAAC 4259
|||||
Db 4742 CTATGACAGTACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAATATGATGCAAGTGTATTAAC 4801
|||
Qy 4260 CAAGAAGTGGCAAGCAACCTGGTGGCCCAACCCCAACCCGAGATGGCAATTTGGC 4319
|||||
Db 4802 CAAGAAGTGGCAAGCAACCTGGTGGCCCAACCCCAACCCGAGATGGCAATTTGGC 4861
|||
Qy 4320 TCAATGATGTCAATATGATCAATTAACAAAGCAAGTAAATGATGGCAATTAAGCA 4379
|||||
Db 4862 TCAATGATGTCAATATGATCAATTAACAAAGCAAGTAAATGATGGCAATTAAGCA 4921
|||
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGCAACGCTTTGTTAAGGACTTGAAGAGCCGCTTGTGATTAACA 4439
|||||
Db 4922 AGGCATCAATGAAGCAACGCTTTGTTAAGGACTTGAAGAGCCGCTTGTGATTAACA 4981
|||||

4440 ACCAAAAAGCGCGAGTAACTGTGGTGAATTAATGCCGTTGCCAAACACCGCTGAC 4499
4982 AACCAAAAAGCGCGAGTAACTGTGGTGAATTAATGCCGTTGCCAAACACCGCTGAC 5041
4500 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACACGCGTTAAAAAATCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAGG 4559
5042 CTTTGCAGGGGATACAGGCAACACGCGTTAAAAAATCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAGG 5101
4560 TGGGCAACAGACACCAATAGCTAACGGAATTAACATGCGTGGTAGAGAGTACTGA 4619
5102 TGGGCAACAGACACCAATAGCTAACGGAATTAACATGCGTGGTAGAGAGTACTGA 5161
4620 TGGGCAACAGACACCAATAGCTAACGGAATTAACATGCGTGGTAGAGAGTACTGA 4679
5162 TGGGCAACAGACACCAATAGCTAACGGAATTAACATGCGTGGTAGAGAGTACTGA 5221
4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA 4739
5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA 5281
4740 CACCCCTGTGCTAGTGCATGCGATGGGCTGGAGCTGGGGGCAAGGTCAATGATGAGG 4799
5282 CACCCCTGTGCTAGTGCATGCGATGGGCTGGAGCTGGGGGCAAGGTCAATGATGAGG 5341
4800 CAAAGGCAAAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACGAGTACGCACTT 4859
5342 CAAAGGCAAAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAACGAGTACGCACTT 5401
4860 GTTGGGCTGTGATAGTCTGTGATATGATACGCTGACGCGCATAGTAAACATTTGCCGA 4919
5402 GTTGGGCTGTGATAGTCTGTGATATGATACGCTGACGCGCATAGTAAACATTTGCCGA 5461
4920 CATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCGCATCTGTCAAAAGCAGGAC 4979
5462 CATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCGCATCTGTCAAAAGCAGGAC 5521
4980 GGTACTTGGCGGTAAAGATTAATACGATACCGAAAAATCTTGCCACTGGTATACAGT 5039
5522 GGTACTTGGCGGTAAAGATTAATACGATACCGAAAAATCTTGCCACTGGTATACAGT 5581
5040 GGGCGTGGATAAAGAGCGCAACGCTAACGCGATTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCA 5099
5582 GGGCGTGGATAAAGAGCGCAACGCTAACGCGATTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCA 5641
5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCTGTGCTGCCACTTATACGCGCAGGTACAGCAACTA 5159
5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCTGTGCTGCCACTTATACGCGCAGGTACAGCAACTA 5701
5160 TTTGACCAACACCCCGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTTCTT 5219
5702 TTTGACCAACACCCCGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTTCTT 5761
5220 CCATGTCACAGATGCGCAATTAAGAGCTGTGATCAAGGCGGTACCGCATTTGACTAAG 5279
5762 CCATGTCACAGATGCGCAATTAAGAGCTGTGATCAAGGCGGTACCGCATTTGACTAAG 5821
5280 TGCCTAGCAGCAACACTGAGTGGCGATGAGTTTCACAGCGCAAGCAGATGTTGAAGCGC 5339
5822 TGCCTAGCAGCAACACTGAGTGGCGATGAGTTTCACAGCGCAAGCAGATGTTGAAGCGC 5881
5340 CGTTGCGCATAGGAGCAAAACCAAGCAGCAACCAATTCATGCGCATTCGCTGATAACGC 5399
5882 CGTTGCGCATAGGAGCAAAACCAAGCAGCAACCAATTCATGCGCATTCGCTGATAACGC 5941
5400 ACAAGCAGAGGCGGATCAATTCATCGCATCGGTACAGGCAAGTGTGTACAGAGTAAAGCA 5459
5942 ACAAGCAGAGGCGGATCAATTCATCGCATCGGTACAGGCAAGTGTGTACAGAGTAAAGCA 6001
5460 CTCTGCTGCGCATGGCGAGCAGCAAGCACTGTTAAGCGTGAATACAGTATGAGTGGGTAA 5519
6002 CTCTGCTGCGCATGGCGAGCAGCAAGCACTGTTAAGCGTGAATACAGTATGAGTGGGTAA 6061

5520 TAACACAGCTTTAACGATGCGACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 5579
6062 TAACACAGCTTTAACGATGCGACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 6121
5580 CGTACCGAAAGTAACCTGCTTGCCTTAACTTCAACTCTCCATCACTGAGGCGACACA 5639
6122 CGTACCGAAAGTAACCTGCTTGCCTTAACTTCAACTCTCCATCACTGAGGCGACACA 6181
5640 CGCAGGCGACACAGCCAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCCACACAGCAGTGC 5699
6182 CGCAGGCGACACAGCCAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCCACACAGCAGTGC 6241
5700 AACCGTACCGTTAAAGGCTTGTGACAAACGCGGTTGGTGGGCTGCTGGGCTGC 5759
6242 AACCGTACCGTTAAAGGCTTGTGACAAACGCGGTTGGTGGGCTGCTGGGCTGC 6301
5760 CTCAGGTCTGACAGCCGATATCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACAGCAC 5819
6302 CTCAGGTCTGACAGCCGATATCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTCAAGTCCACAGCAC 6361
5820 CGATGCGGTCAATGCTAGCGCTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCAA 5879
6362 CGATGCGGTCAATGCTAGCGCTGTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAAGCAACCAA 6421
5880 TGACCTTGACCATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGACGAGATTTCATCAGC 5939
6422 TGACCTTGACCATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGACGAGATTTCATCAGC 6481
5940 GATGGCGATGGCGTTCATGCGCACAGCCCTACATTTCTGCGCATGCTGTTACCGGGGG 5999
6482 GATGGCGATGGCGTTCATGCGCACAGCCCTACATTTCTGCGCATGCTGTTACCGGGGG 6541
6000 TATGCGCACCCACAAAGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGGCTGCGATTA 6059
6542 TATGCGCACCCACAAAGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGGCTGCGATTA 6601
6060 TGTCAATGGGTATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6119
6602 TGTCAATGGGTATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6661
59 6120 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6141
6662 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6683

RESULT 2
US-08-483-855C-1
Sequence 1, Application US/08483855C
Patent No. 6440424
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Sasaki, Ken
APPLICANT: Harkness, Robin E.
APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
APPLICANT: Klein, Michel H.
TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER MEMBRANE PROTEIN OF
FILE REFERENCE: 1038-503 MIS
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/483,855C
PRIOR FILING DATE: 1995-06-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: 08/431,718
NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 6973
TYPE: DNA
ORGANISM: Moraxella catarrhalis
US-08-483-855C-1

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 4; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;

1 ATGAATCAACATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGCACATTTATGACAGTGGCA 60
|||||
Db 542 ATGAATCAACATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGCACATTTATGACAGTGGCA 601
61 GAGTACGCCAAATCCACAGCAC -GGGGGGGGGTAGCTGTGTACAGGGCAAGTGGCAG 119
|||||
Db 602 GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGCGGGGGGGGTAGCTGTGTACAGGGCAAGTGGCAG 661
120 TGTATGACCTGTAGCTTTGCCCGTATTGCCGCTCGCTGTCTCTGTATGAGGTGCAC 179
|||||
Db 662 TGTATGACCTGTAGCTTTGCCCGTATTGCCGCTCGCTGTCTCTGTATGAGGTGCAC 721
180 GCTCAGTGGCAGTGTATGTCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATGCGAATGGTGAACA 239
|||||
Db 722 GCTCAGTGGCAGTGTATGTCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATGCGAATGGTGAACA 781
240 AAACAGCCACAGAGCTCAGGCAGCTGCCAAGCGGACGCGTATCGAGCCATTGCTATTGG 299
|||||
Db 782 AAACAGCCACAGAGCTCAGGCAGCTGCCAAGCGGACGCGTATCGAGCCATTGCTATTGG 841
300 TGAATATGCTACGACAGCGGGGGTCAAGGCCATCGGCATCGGTAGTATGAATAAAACTGT 359
|||||
Db 842 TGAATATGCTACGACAGCGGGGGTCAAGGCCATCGGCATCGGTAGTATGAATAAAACTGT 901
360 CAATGGAAGCAGTGTGATTAAGTATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT 419
902 CAATGGAAGCAGTGTGATTAAGTATAGTATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT 961
420 CGGTGGTGTATTAAGGCTAGTGTGTAGTCCGTGATTTGCCATGCGGTAGTATGATGACTTACA 479
|||||
Db 962 CGGTGGTGTATTAAGGCTAGTGTGTAGTCCGTGATTTGCCATGCGGTAGTATGATGACTTACA 1021
480 TTTGCTGATCGCATGTGTATCTCAAAACATCCGAAAGTACTGTATGAATGAATCTTAT 539
|||||
Db 1022 TTTGCTGATCGCATGTGTATCTCAAAACATCCGAAAGTACTGTATGAATGAATCTTAT 1081
540 TAACGGCATGAGTATTTAAAAAATACGAAGCTCAAGAGTAAATGATTAATAATATAG 599
1082 TAACGGCATGAGTATTTAAAAAATACGAAGCTCAAGAGTAAATGATTAATAATATAG 1141
600 ACGCAACACCGAGCGGACAGCCAGTACTGACAGTGGAGCCATGCTATATGACAGG 659
|||||
Db 1142 ACGCAACACCGAGCGGACAGCCAGTACTGACAGTGGAGCCATGCTATATGACAGG 1201
660 TCATTTTCCACGCTTTGGTGTACACGCGGACAGCTAAAGTCCCTATTCCTGGCAGT 719
1202 TCATTTTCCACGCTTTGGTGTACACGCGGACAGCTAAAGTCCCTATTCCTGGCAGT 1261
720 GGTCTTGGCGGCACAGCCGAGGCGCAATCTCAATCGCTATTGGTCTGATGCAACATC 779
|||||
Db 1262 GGTCTTGGCGGCACAGCCGAGGCGCAATCTCAATCGCTATTGGTCTGATGCAACATC 1321
780 TAGCTGTGGGAGGATAGCCCTTGGTGTACAGGTAAGTCTGTGTACAGTACAGGGCAGTAT 839
1322 TAGCTGTGGGAGGATAGCCCTTGGTGTACAGGTAAGTCTGTGTACAGGTAAGTAT 1381
840 TGCCCTAGTCAAGGTTCTGTGTGTACATGAGATGATATATTTCTAGACGCGGCTATAC 899
1382 TGCCCTAGTCAAGGTTCTGTGTGTACATGAGTATTAATTTCTAGACGCGGCTATAC 1441
900 ACCAATATACCGAGGACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACAGAGCGGGTGC 959
1442 ACCAATATACCGAGGACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACAGAGCGGGTGC 1501
960 ACTTTCATTTGGTACTACTATCAACAGCTAAACATCAATCAATGTCGTCAGGTGTAA 1019
1502 ACTTTCATTTGGTACTACTATCAACAGCTAAACATCAATGTCGTCAGGTGTAA 1561
1020 TAAACCCGATGGGCTCAATGTGGCAGAGCTAGACGCGGTGCAAGTGGGCTAAGAGAGG 1079
1562 TAAACCCGATGGGCTCAATGTGGCAGAGCTAGACGCGGTGCAAGTGGGCTAAGAGAGG 1621
1080 TAGAATTAATCTTTCAAGGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTGGATTAATAC 1139

1622 TAGAATTAATCTTTCAAGGATGATTAACAGTACTGACGTAAATAATAGTTGGATATATAC 1681
1140 TTTAACTATTAAGGTGTGTGACAGAGCAACGCTTAACCGATTAATATATGCGTGTGT 1199
1682 TTTAACTATTAAGGTGTGTGACAGAGCAACGCTTAACCGATTAATATATGCGTGTGT 1741
1200 AAAAGAGCGGTAAATAGGTGTGTGAAAGTAACTGTGTAACCTTTAAACATGCTTAC 1259
1742 AAAAGAGCGGTAAATAGGTGTGTGAAAGTAACTGTGTAACCTTTAAACATGCTTAC 1801
1260 TGAGGTGAATACAACTACATTAATAATGCCAACACACAGTTAAAGTGTAGTATGATAGT 1319
1802 TGAGGTGAATACAACTACATTAATAATGCCAACACACAGTTAAAGTGTAGTATGATAGT 1861
1320 TACTACAGCTGAATTTTGTAGATATGTATTACCTTTACCCAGCCCAATACAGGAGCTCA 1379
1862 TACTACAGCTGAATTTTGTAGATATGTATTACCTTTACCCAGCCCAATACAGGAGCTCA 1921
1380 AACCAAGCAAAACCGCTATGCGGTTAATGGGTGAAGTTACTAATATACAGAAAC 1439
1922 AACCAAGCAAAACCGCTATGCGGTTAATGGGTGAAGTTACTAATATACAGAAAC 1981
1440 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGTATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGAGATGG 1499
1982 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGTATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGAGATGG 2041
1500 TGTATGTTGATGAATAAACAGCACCATATTTGGATTAATAAACCACTTAAGTGGGTAGTGT 1559
2042 TGTATGTTGATGAATAAACAGCACCATATTTGGATTAATAAACCACTTAAGTGGGTAGTGT 2101
1560 TGCATTTACCATATGACAATGAGGCAATGTATGACAGTAAATTAATAATCAGTATATGCGCA 1619
2102 TGCATTTACCATATGACAATGAGGCAATGTATGACAGTAAATTAATAATCAGTATATGCGCA 2161
1620 AGGTAGCAGTGTAAAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCTACTTT 1679
2162 AGGTAGCAGTGTAAAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCTACTTT 2221
1680 AAACGAGCGGCTGGCATCAGTGTACACACTACTGAAATATTCAGTGTATGCTTAAGAGTGG 1739
2222 AAACGAGCGGCTGGCATCAGTGTACACACTACTGAAATATTCAGTGTATGCTTAAGAGTGG 2281
1740 CAATGTTACCGCCCAACTACAAATGAGGCGTGAAGAACCAAGGAGTTAAGAGTATGG 1799
2282 CAATGTTACCGCCCAACTACAAATGAGGCGTGAAGAACCAAGGAGTTAAGAGTATGG 2341
1800 CACTAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTAGCAACAAATAGCTTAGTTACCGCGCA 1859
2342 CACTAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTAGCAACAAATAGCTTAGTTACCGCGCA 2401
1860 ACATTTGGCAGCTATCTAATATGAAGTCAATGCAAGCGGCTGACAGTGTCTTACAAAGCTT 1919
2402 ACATTTGGCAGCTATCTAATATGAAGTCAATGCAAGCGGCTGACAGTGTCTTACAAAGCTT 2461
1920 TACGTTAAAGAAGAGAGATGATGACGCAAGCGTATACCGTGGCTTAAAGTATGAG 1979
2462 TACGTTAAAGAAGAGAGATGATGACGCAAGCGTATACCGTGGCTTAAAGTATGAG 2521
1980 AAAAATATGCGGCGGAGTACGATCTTAAACATCAAAAGGTAAAGCGGTTCACGCTTGC 2039
2522 AAAAATATGCGGCGGAGTACGATCTTAAACATCAAAAGGTAAAGCGGTTCACGCTTGC 2581
2040 TACCAAAAAAGATGTATGCGTTACCTTTGGGCTTACGCAAGATAGCGGTGTGACATTTGG 2099
2582 TACCAAAAAAGATGTATGCGTTACCTTTGGGCTTACGCAAGATAGCGGTGTGACATTTGG 2641
2100 CAANAAGCACCCTTAACACAGATGCTGACTGTTAAAGATACCAAGCAACATTCACAGT 2159
2642 CAANAAGCACCCTTAACACAGATGCTGACTGTTAAAGATACCAAGCAACATTCACAGT 2701
2160 CGGTGCTAATGCGATTAATTTACTAATGTGAATGTAGTAAATCCAGGTACTGGCATTTGC 2219

```
Db 2702 CGGTGCTAATGGCAATTAATTTACTAATGATGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTGGC 2761
Oy 2220 AAATACCGCTGGCATTTACCAAGATATAATGGCTTCTGCTGTTGATGGTGGCAGTTGA 2279
Db 2762 AAAATACCGCTGGCATTTACCAAGATATAATGGCTTCTGCTGTTGATGGTGGCAGTTGA 2821
Oy 2280 TACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAACTGGCAATGTTAAAGATTACCA 2339
Db 2822 TACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAACTGGCAATGTTAAAGATTACCA 2881
Oy 2340 CACTGGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGCCATCAAGCGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2399
Db 2882 CACTGGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGCCATCAAGCGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2941
Oy 2400 TGGCGATTAAGTAGCCCAACATGGAATCTGGCAATACATCCAAAGCAAAAGCAAAATC 2459
Db 2942 TGGCGATTAAGTAGCCCAACATGGAATCTGGCAATACATCCAAAGCAAAAGCAAAATC 3001
Oy 2460 CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTAATTAACAGCTTTAACTTAATAATAATAACAA 2519
Db 3002 CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTAATTAACAGCTTTAACTTAATAATAATAACAA 3061
Oy 2520 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCTTGGCAATGGCAATGGCCACAC 2579
Db 3062 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCTTGGCAATGGCCACAC 3121
Oy 2580 GCGCCATTAACCCATGATACCGGCTAACAAAACAGTAAGGTATATGATGATGATGT 2639
Db 3122 GCGCCATTAACCCATGATACCGGCTAACAAAACAGTAAGGTATATGATGATGATGT 3181
Oy 2640 GGATGATACAAACCATTTGATCTAACAGGCACTGATGACAAATAAAAACTTGGCGTCAAAAC 2699
Db 3182 GGATGATACAAACCATTTGATCTAACAGGCACTGATGACAAATAAAAACTTGGCGTCAAAAC 3241
Oy 2700 CACCAACTGGAACAACAAGGCTAATGATATACAGCACTTAATGTTAACTTAAGT 2759
Db 3242 CACCAACTGGAACAACAAGGCTAATGATATACAGCACTTAATGTTAACTTAAGT 3301
Oy 2760 TAGTGATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAGACATCGCCGAATACTTAACACCCCTAGC 2819
Db 3302 TAGTGATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAGACATCGCCGAATACTTAACACCCCTAGC 3361
Oy 2820 CAAGCAAAATTCACACCACCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCA 2879
Db 3362 CAAGCAAAATTCACACCACCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCA 3421
Oy 2880 AAAGTAGTAGTAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2939
Db 3422 AAAGTAGTAGTAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3481
Oy 2940 CGCAATATATCAAGTCAACACCCCTAACAAGGTGAAGGCTCTTAATATTAAAC 2999
Db 3482 CGCAATATATCAAGTCAACACCCCTAACAAGGTGAAGGCTCTTAATATTAAAC 3541
Oy 3000 CGACAAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCATTTAACACACAAAGCGTCTTAAGCGGCA 3059
Db 3542 CGACAAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCATTTAACACACAAAGCGTCTTAAGCGGCA 3601
Oy 3060 AAGCAACCCCTAAGGAGGCGGCTTGTCTATTAAAAAACCACATGGTAGGCAAAATCA 3119
Db 3602 AAGCAACCCCTAAGGAGGCGGCTTGTCTATTAAAAAACCACATGGTAGGCAAAATCA 3661
Oy 3120 ACTGGTGTCTGATGGCTGAAGTTTGCCAAAGTTAATAATAATGTTGATAGTGTCTGG 3179
Db 3662 ACTGGTGTCTGATGGCTGAAGTTTGCCAAAGTTAATAATAATGTTGATAGTGTCTGG 3721
Oy 3180 CATTTGATGGCACAATCTGGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3239
Db 3722 CATTTGATGGCACAATCTGGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3781
Oy 3240 ACTTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGCGGCTTAACGCGAGGTGATTAAGAT 3299
Db 3782 ACTTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGCGGCTTAACGCGAGGTGATTAAGAT 3841

Oy 3300 TACCAACATTCATCAGGTGATGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGAGACGGGCA 3359
Db 3842 TACCAACATTCATCAGGTGATGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGAGACGGGCA 3901
Oy 3360 GATTTATGATTTAAAAACCGAATTTGAAAAACAAATTCAGCATCTGCCAAACAGCA 3419
Db 3902 GATTTATGATTTAAAAACCGAATTTGAAAAACAAATTCAGCATCTGCCAAACAGCA 3961
Oy 3420 AAACATTTACAGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3479
Db 3962 AAACATTTACAGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4021
Oy 3480 CCCCATTGCTGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3539
Db 4022 CCCCATTGCTGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4081
Oy 3540 GCGCATTTACCAACAGGTAATTAAGGTGTGGTGGTGGGCTATGACCAAAACCAAG 3599
Db 4082 GCGCATTTACCAACAGGTAATTAAGGTGTGGTGGTGGGCTATGACCAAAACCAAG 4141
Oy 3600 CTTAACAACGCTTAAGTGAACCGTGGGTAATTAATTAAGCAAAAGCATTTGATGACAG 3659
Db 4142 CTTAACAACGCTTAAGTGAACCGTGGGTAATTAATTAAGCAAAAGCATTTGATGACAG 4201
Oy 3660 CCAAAATGGTCAAAATTAACATCAGAGCTAAGCAACCTGATGATGATGATGATGAT 3719
Db 4202 CCAAAATGGTCAAAATTAACATCAGAGCTAAGCAACCTGATGATGATGATGATGATGAT 4261
Oy 3720 TAAAGTACCGTGAACGACAGCAAGGCAATTAATCAAAAGCAAAAGCAAAAGCG 3779
Db 4262 TAAAGTACCGTGAACGACAGCAAGGCAATTAATCAAAAGCAAAAGCAAAAGCG 4321
Oy 3780 TGCCGCGACGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3839
Db 4322 TGCCGCGACGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4381
Oy 3840 GGTGATCTTTGTCTCCACTTATGACACCGTGAACCTTGGCCATGGCCACACCGC 3899
Db 4382 GGTGATCTTTGTCTCCACTTATGACACCGTGAACCTTGGCCATGGCCACACCGC 4441
Oy 3900 TAAAGTGAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3959
Db 4442 TAAAGTGAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4501
Oy 3960 TGATCAACCATTTGAATTAAGATTAAGGCTTAAGGCTTAAGGCTTAAGGCTTAAG 4019
Db 4502 TGATCAACCATTTGAATTAAGATTAAGGCTTAAGGCTTAAGGCTTAAGGCTTAAG 4561
Oy 4020 TACTGGCAGAGTGGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTAAGTGGGATGG 4079
Db 4562 TACTGGCAGAGTGGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTAAGTGGGATGG 4621
Oy 4080 CAAGGCACTGATTTGCTGCTATTAACACCTTAATCTGCGACATTCACAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCACTGATTTGCTGCTATTAACACCTTAATCTGCGACATTCACAACTGCCAA 4681
Oy 4140 AAGGGCAACCAAGGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAAT 4199
Db 4682 AAGGGCAACCAAGGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAAT 4741
Oy 4200 CTATGACATTAACGATTAACAGTACTATTAAGCCAAAAATGATGACAGCTGATTAAG 4259
Db 4742 CTATGACATTAACGATTAACAGTACTATTAAGCCAAAAATGATGACAGCTGATTAAG 4801
Oy 4260 CAAAGAAATTTGCAAAAGACAAACCTGGTCCCAAGGCCCAACCCAGATGGCATTGGC 4319
Db 4802 CAAAGAAATTTGCAAAAGACAAACCTGGTCCCAAGGCCCAACCCAGATGGCATTGGC 4861
Oy 4320 TCAAAATGAATGTCAATATCAGTCAATTAACAAAGCAAGTAAATGATGCCAATTAAGCA 4379
Db 4862 TCAAAATGAATGTCAATATCAGTCAATTAACAAAGCAAGTAAATGATGCCAATTAAGCA 4921
```


Qy	1740	CAATGTTACGCCCCCAACTTACACACTTGGCGTGAAACCACCGAGCTTAAACAGTATGG	1799
Db	2282	CAATGTTACGCCCCCAACTTACACACTTGGCGTGAAACCACCGAGCTTAAACAGTATGG	2341
Qy	1800	CACTAGGATAAATTAGTGTTAAGGTAGTGGTGACGAACATACCTAGTTAGTACGGCGA	1859
Db	2342	CACTAGGATAAATTAGTGTTAAGGTAGTGGTGACGAACATACCTAGTTAGTACGGCGA	2401
Qy	1860	ACATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATGGAACGGCTGACAGTGCCTACAAAGCTT	1919
Db	2402	ACATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATGGAACGGCTGACAGTGCCTACAAAGCTT	2451
Qy	1920	TACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATAGCCCAACGCTATCACGCTGTAAAGATAGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATAGCCCAACGCTATCACGCTGTAAAGATAGAC	2521
Qy	1980	AAAAAATGCGGGGCGAGTGCATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAGGCTCAACAGTTGC	2039
Db	2522	AAAAAATGCGGGGCGAGTGCATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAGGCTCAACAGTTGC	2561
Qy	2040	TACCAAAAAAGATGATACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATACGGCTGACACATGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGATACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATACGGCTGACACATGG	2641
Qy	2100	CAAAAGCACCTTAACACAGATGGCTTGACTTTAAAGATACCAAGAACAAATCCAGT	2159
Db	2642	CAAAAGCACCTTAACACAGATGGCTTGACTTTAAAGATACCAAGAACAAATCCAGT	2701
Qy	2160	CGGCGCTAAAGGCGTTAAATTTCTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGTACTGGCATTTGC	2219
Db	2702	CGGCGCTAAAGGCGTTAAATTTCTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGTACTGGCATTTGC	2761
Qy	2220	AAATACCGCTGCGATTACAGAGATAAATTTGGCTTTCGTGTTGTAGTGGTAGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTGCGATTACAGAGATAAATTTGGCTTTCGTGTTGTAGTGGTAGTTGA	2821
Qy	2280	TACAAACAACCTTATCTTGATCAGACAGCTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAACCTTATCTTGATCAGACAGCTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA	2881
Qy	2340	CACGCGATTAAAGCGAGGTGTTAAACCCATCAACAGGCGTTCGCCCAACACTGGCTAGAT	2399
Db	2882	CACGCGATTAAAGCGAGGTGTTAAACCCATCAACAGGCGTTCGCCCAACACTGGCTAGAT	2941
Qy	2400	TGCGGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACTTGGGCATACAAATCCAAAGACAACAATC	2459
Db	2942	TGCGGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACTTGGGCATACAAATCCAAAGACAACAATC	3001
Qy	2460	CAACGCTGCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACTCAAAAAATTAACAA	2519
Db	3002	CAACGCTGCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACTCAAAAAATTAACAA	3061
Qy	2520	CCCGATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	2579
Db	3062	CCCGATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	3121
Qy	2580	CGCCACAGTAAACCATGATATCCGCTTAACAAAACAGTAAAGGTGATATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAAACCATGATATCCGCTTAACAAAACAGTAAAGGTGATATGATGTGAATGT	3181
Qy	2640	GGATGATACACAGCTATCTATTAACAGGCACTGATGCAATAAAAAACTTGGCGTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACACAGCTATCTATTAACAGGCACTGATGCAATAAAAAACTTGGCGTCAAAAC	3241
Qy	2700	CACCAAACTGAACAAAACAGTGTATATGTATATACAGCACTTAACCTTAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGAACAAAACAGTGTATATGTATATACAGCACTTAACCTTAATGTTAACTC	3301
Qy	2760	TAGTAGTAGAAGATGCGCTTTTAAAGCCCAAAGACATCGCGGAAAATCTTAACACCTTAGC	2819
Db	3302	TAGTAGTAGAAGATGCGCTTTTAAAGCCCAAAGACATCGCGGAAAATCTTAACACCTTAGC	3361
Qy	2820	CAAGGAATTTACACCAACCAAGGCAACAGACCGGCTTACAAACCTTTACCGTTAA	2879

[illegible]

```
Db 4442 TAAGGTGAACCTATGTATGACACAGCAAAACCGTAAAGTGGTCTATGTATGTCATGTGGA 4501
Oy 3960 TGATACAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCGTAAAAAACCCACCATTTGACGAC 4019
Db 4502 TGATACAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCGTAAAAAACCCACCATTTGACGAC 4561
Oy 4020 TACTGGCAGCAGTGTCTATTAATTTTGGCTTAAGCAATCAAGCTACTGTGGGAGTGGCTTGT 4079
Db 4562 TACTGGCAGCAGTGTCTATTAATTTTGGCTTAAGCAATCAAGCTACTGTGGGAGTGGCTTGT 4621
Oy 4080 CAAGGCGATGATATGCTGTCTCATCTTAACACCTTATCTGGCGCATCCAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCGATGATATGCTGTCTCATCTTAACACCTTATCTGGCGCATCCAACTGGCCAA 4681
Oy 4140 AAGGGGCAACCAAGCGAACACTCAGCAGGCTATGTGATGTGCTGATGGCAATTAAGTCA 4199
Db 4682 AAGGGGCAACCAAGCGAACACTCAGCAGGCTATGTGATGTGCTGATGGCAATTAAGTCA 4741
Oy 4200 CTATGACATACCGGATTAACAAGTACTATCAAGCGCAAAATGATGGCAGATTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACATACCGGATTAACAAGTACTATCAAGCGCAAAATGATGGCAGATTGATTAAC 4801
Oy 4260 CAAGAAGTTGGCCAAAGACAACTGGTCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGC 4319
Db 4802 CAAGAAGTTGGCCAAAGACAACTGGTCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGC 4861
Oy 4320 TCANAATGATTCATCAATTCAGTCTTTAAACAAGAACAAAGTAAATGATGGCAATTAAGA 4379
Db 4862 TCANAATGATTCATCAATTCAGTCTTTAAACAAGAACAAAGTAAATGATGGCAATTAAGA 4921
Oy 4380 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTGA AAAAGCCGCTTGTGATTAACA 4439
Db 4922 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTGA AAAAGCCGCTTGTGATTAACA 4981
Oy 4440 AACCAAAAACGCCGAGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 4499
Db 4982 AACCAAAAACGCCGAGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 5041
Oy 4500 CTTTGGACGGGGATACAGGCGCAACGGCTTAA AAAAGTGGGCGAGACTTTTGACATCAAG 4559
Db 5042 CTTTGGACGGGGATACAGGCGCAACGGCTTAA AAAAGTGGGCGAGACTTTTGACATCAAG 5101
Oy 4560 TGGGCAAAACGACACCAATTAAGCTAAACCGATTAATCAATCGTGTGGTACAGCTACTGA 4619
Db 5102 TGGGCAAAACGACACCAATTAAGCTAAACCGATTAATCAATCGTGTGGTACAGCTACTGA 5161
Oy 4620 TGGCTTACTGCTAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGGTTAATGACAGTGG 4679
Db 5162 TGGCTTACTGCTAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGGTTAATGACAGTGG 5221
Oy 4680 CACCAAAAATTGATGACAAAGCGGTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4739
Db 5222 CACCAAAAATTGATGACAAAGCGGTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 5281
Oy 4740 CACCCCTGTCTAAGTGCCTAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATGATGGG 5341
Db 5282 CACCCCTGTCTAAGTGCCTAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATGATGGG 5341
Oy 4800 CAAAGGCAAAAAGATACCGGCGCTGCCAATGTACACAGTTAAACCAAGTACCAACTT 4859
Db 5342 CAAAGGCAAAAAGATACCGGCGCTGCCAATGTACACAGTTAAACCAAGTACCAACTT 5401
Oy 4860 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGGCAATGAGTAAACATTTGCCGA 4919
Db 5402 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGGCAATGAGTAAACATTTGCCGA 5461
Oy 4920 CATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTTATCATCTTAACCGCATCTCATCAAAAGAGGAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTTATCATCTTAACCGCATCTCATCAAAAGAGGAC 5521
Oy 4980 GGTACTTGGGGTAAAGGTATTAACGATACGCAAAACCTTCCCATGGTGTATTAACGT 5039
Db 5522 GGTACTTGGGGTAAAGGTATTAACGATACGCAAAACCTTCCCATGGTGTATTAACGT 5581

Oy 5040 GGGCGTGATTAAGACGGCAACGCTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5099
Db 5582 GGGCGTGATTAAGACGGCAACGCTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5641
Oy 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATTAACCGCGAGTGCAGACCAACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATTAACCGCGAGTGCAGACCAACTA 5701
Oy 5160 TTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACAGGTATCCGCTCTT 5219
Db 5702 TTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACAGGTATCCGCTCTT 5761
Oy 5220 CCATGTCACAGTGGCAATCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGGTAAACGGCATTTGACTCAG 5279
Db 5762 CCATGTCACAGTGGCAATCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGGTAAACGGCATTTGACTCAG 5821
Oy 5280 TGCTCAGGCAAGCCTCAGTGGGATAGTTTCCAGGCCAAGGACAGATGTTGAAGCCGC 5339
Db 5822 TGCTCAGGCAAGCCTCAGTGGGATAGTTTCCAGGCCAAGGACAGATGTTGAAGCCGC 5881
Oy 5340 CGTTGGCATAGGCAAGCAAAACCCAGGACCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGC 5399
Db 5882 CGTTGGCATAGGCAAGCAAAACCCAGGACCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGC 5941
Oy 5400 ACMAAGCAAGGCGCATCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGCAGGCAATGTTAGCAGTTAACA 5459
Db 5942 ACMAAGCAAGGCGCATCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGCAGGCAATGTTAGCAGTTAACA 6001
Oy 5460 CTCTGGTGCATTCGCGCAACCCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACGTTACGTTGGTTAA 5519
Db 6002 CTCTGGTGCATTCGCGCAACCCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACGTTACGTTGGTTAA 6061
Oy 5520 TTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATTAACATCAC 6121
Oy 5580 CGTGACCGAAATTAACCTGGTTGCCCTTAGGTTCAAACTCTGCATCATGTGCAAGGACACA 5639
Db 6122 CGTGACCGAAATTAACCTGGTTGCCCTTAGGTTCAAACTCTGCATCATGTGCAAGGACACA 6181
Oy 5640 CGCAGGCAACAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACACACACACAGCAGGTGC 5699
Db 6182 CGCAGGCAACAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACACACACACAGCAGGTGC 6241
Oy 5700 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGTGGACAAACGGCGGTTGGTGGCGTCTCGTGGGTGC 5759
Db 6242 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGTGGACAAACGGCGGTTGGTGGCGTCTCGTGGGTGC 6301
Oy 5760 CTCAGGTGCTGAACGCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGACGACCAAGCAC 5819
Db 6302 CTCAGGTGCTGAACGCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGACGACCAAGCAC 6361
Oy 5820 CGATGGGTCATAGTGAAGCAGTTGTACAAAGCCCAACCAACCATTTGCCAAGCAACCA 5879
Db 6362 CGATGGGTCATAGTGAAGCAGTTGTACAAAGCCCAACCAACCATTTGCCAAGCAACCA 6421
Oy 5880 TGAAGCTTGACATCGATATCCAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCCGC 5939
Db 6422 TGAAGCTTGACATCGATATCCAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCCGC 6481
Oy 5940 GATGGGATGGGGTGCATGCGCAACAGCTATATCTCTGGCAGATCCATGTTAACGGGGG 5999
Db 6482 GATGGGATGGGGTGCATGCGCAACAGCTATATCTCTGGCAGATCCATGTTAACGGGGG 6541
Oy 6000 TATTGGCACCCACAGCGTCAAGCTCGGTGGCAGTGGGATGTCGAAAGCTGTCCGATTA 6059
Db 6542 TATTGGCACCCACAGCGTCAAGCTCGGTGGCAGTGGGATGTCGAAAGCTGTCCGATTA 6601
Oy 6060 TGGTCAATGGGTTATTTAAATCAATGTTACGCCGATTAACCAAGGCGCATGTAGGGCGGC 6119
Db 6602 TGGTCAATGGGTTATTTAAATCAATGTTACGCCGATTAACCAAGGCGCATGTAGGGCGGC 6661
```


Qy	1560	TGCAATTACCAATGACAAATGGCAATTTGATGACAGTAATATATAAAAATGCTATCTTGCCAA	1613
Db	2102	TGCAATTACCAATGAGCAAAAGGCATTGATGACAGTAATATATAAAAATGCTATCTTGCCAA	2161
Qy	1620	AGGTAGCAGTGTACAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAACCGCCCAAGCTACTTT	1679
Db	2162	AGGTAGCAGTGTACAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAACCGCCCAAGCTACTTT	2221
Qy	1680	AAACGACGGGGCTGGCANTAGTGTCAACACTACTGAATATCAAGTATAGCTTAAGAGTGG	1739
Db	2222	AAACGACGGGGCTGGCANTAGTGTCAACACTACTGAATATCAAGTATAGCTTAAGAGTGG	2281
Qy	1740	CAATGTATCCGGCCCAACTTACAAACCTTGGCGTGAAACCAACGAGTTAAACAGTATGG	1799
Db	2282	CAATGTATCCGGCCCAACTTACAAACCTTGGCGTGAAACCAACGAGTTAAACAGTATGG	2341
Qy	1800	CAC TAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGTGTACGAACATATAGCTTAAGTACCCCA	1859
Db	2342	CAC TAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGTGTACGAACATATAGCTTAAGTACCCCA	2401
Qy	1860	ACATTTGGCAAGCATCTCTAAATGAAGTCAATGAACGGGTGCAAGTGTCTACAAAGCTT	1919
Db	2402	ACATTTGGCAAGCATCTCTAAATGAAGTCAATGAACGGGTGCAAGTGTCTACAAAGCTT	2461
Qy	1920	TACCGTTAAAGAAAGAACAGATGATGACGCCAAGCCTATCAACCGTGGCTAAAGATACGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAAAGAACAGATGATGACGCCAAGCCTATCAACCGTGGCTAAAGATACGAC	2521
Qy	1980	AAAAATATCGCGCGCCAGTACAGCATCTTAAAACTCAAAAGTAAAAAGGTTCTACAGGTTGC	2039
Db	2522	AAAAATATCGCGCGCCAGTACAGCATCTTAAAACTCAAAAGTAAAAAGGTTCTACAGGTTGC	2581
Qy	2040	TACCAAAAAAATAGTACGGTACTCTTTAGCGGCTTACGCCAAGATAGCGGTCTGACATTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAATAGTACGGTACTCTTTAGCGGCTTACGCCAAGATAGCGGTCTGACATTGG	2641
Qy	2100	CAAAAGCACCTTAACAAACAGATGGCTTGACTGTAAAGTATACCAACGAAACAAATCCAAGT	2159
Db	2642	CAAAAGCACCTTAACAAACAGATGGCTTGACTGTAAAGTATACCAACGAAACAAATCCAAGT	2701
Qy	2160	CGGTCTAATGGCAATTAATTTACTAATGTGAATGGTACTAATCCAGTACTGCGCATTCG	2219
Db	2702	CGGTCTAATGGCAATTAATTTACTAATGTGAATGGTACTAATCCAGTACTGCGCATTCG	2761
Qy	2220	AAATACCGCTGCGCATTTACAGAGATAAATTTGCGCTTGCTGATGTGTCGACGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTGCGCATTTACAGAGATAAATTTGCGCTTGCTGATGTGTCGACGTTGA	2821
Qy	2280	TACAAACAACCTTATCTGTGATCAAGCAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAACCTTATCTGTGATCAAGCAAGCTACAAAGTTGGCATGTTAAGATTACCA	2881
Qy	2340	CAC TGGCATTTAAGCAGAGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCAACCTGCTTAGCAT	2399
Db	2882	CAC TGGCATTTAAGCAGAGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCAACCTGCTTAGCAT	2941
Qy	2400	TGCGCATCAAAATAGCCGCAACATAGAAATGGCGCAATACAAATCCAGACAAAGACAAATC	2459
Db	2942	TGCGCATCAAAATAGCCGCAACATAGAAATGGCGCAATACAAATCCAGACAAAGACAAATC	3001
Qy	2460	CAACGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATATACAGGCTTTAACTTAAAAATATATACAA	2519
Db	3002	CAACGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATATACAGGCTTTAACTTAAAAATATATACAA	3061
Qy	2520	CCCGATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTACTTTGCCAATGGCAATGCCAACAC	2579
Db	3062	CCCGATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTACTTTGCCAATGGCAATGCCAACAC	3121
Qy	2580	CGGCACAGTACCAATGATAGACCGCTTACAAAACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT	2635
Db	3122	CGGCACAGTACCAATGATAGACCGCTTACAAAACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT	3185

QY	2640	GGATGATACAAACCATTCCTCTAACAGGACGTGATGACATATAAAACCTTGGCGCTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACAAACCATTCCTCTAACAGGACGTGATGACATATAAAACCTTGGCGCTCAAAAC	3241
QY	2700	CACCAAACTGAAACAAACAGGCTAATGGTAATGACACAACTAATCTTAAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGAAACAAACAGGCTAATGGTAATGACACAACTAATCTTAAATGTTAACTC	3301
QY	2760	TAGTATGAGAAATGCGCTGTGTTAAAGCCAAAGACATCGCCGAAATCTAAACACCCCTAGC	2819
Db	3302	TAGTATGAGAAATGCGCTGTGTTAAAGCCAAAGACATCGCCGAAATCTAAACACCCCTAGC	3361
QY	2820	CAAGGAATATTCACACCCAAAGGACAGACACGCGGCTTACAAACCTTATACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATATTCACACCCAAAGGACAGACACGCGGCTTACAAACCTTATACCGTTAA	3421
QY	2880	AAAGGTAGATGAAATTAATTAATGCTGATGACGCCAAGCGCATCACGCTGGGTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTAGATGAAATTAATTAATGCTGATGACGCCAAGCGCATCACGCTGGGTCAAAAGAA	3481
QY	2940	CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAGGTTGAAAAAGGCTCTAATATTAAC	2999
Db	3482	CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAGGTTGAAAAAGGCTCTAATATTAAC	3541
QY	3000	CGACAATAATGTCAGCTTACCTTTGGCATTTAAACACACAGCGCTTTAAAGCGGCAA	3059
Db	3542	CGACAATAATGTCAGCTTACCTTTGGCATTTAAACACACAGCGCTTTAAAGCGGCAA	3601
QY	3060	AAGCACCTTAAACAGACGGTGGCTTGTCTTTAAAAACCCACCTGGTAGGGAACAAATCCA	3119
Db	3602	AAGCACCTTAAACAGACGGTGGCTTGTCTTTAAAAACCCACCTGGTAGGGAACAAATCCA	3661
QY	3120	AGTCGGTGCATGAGCGCTAAAGTTTCCCAAGGTTAATTAATTAATGTTGTAAGTCTGG	3179
Db	3662	AGTCGGTGCATGAGCGCTAAAGTTTCCCAAGGTTAATTAATTAATGTTGTAAGTCTGG	3721
QY	3180	CATTGATGGCACACCTGCGATTACAGAGATGAAATTTGGCTTACAGGGAATTAATGGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCACACCTGCGATTACAGAGATGAAATTTGGCTTACAGGGAATTAATGGCTC	3781
QY	3240	ACTTGATTAAGAGAAACCCACCTAAGCAAAAGACGCTAATTAACGACAGTGTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATTAAGAGAAACCCACCTAAGCAAAAGACGCTAATTAACGACAGTGTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTCATCAGGTGAGATTGGCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCAA	3359
Db	3842	TACCAACATTCATCAGGTGAGATTGGCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGCGGCAA	3901
QY	3360	GATTTATGATTTAAAAACGACCTTGAAAAACAAATCAGCAGTACTGCAACAAACAGCACAA	3419
Db	3902	GATTTATGATTTAAAAACGACCTTGAAAAACAAATCAGCAGTACTGCAACAAACAGCACAA	3961
QY	3420	AAACTCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAAACAAGGTAATTAATCTTTACGGTTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAAACAAGGTAATTAATCTTTACGGTTAGTAA	4021
QY	3480	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCGATGATCAACCTTTGACAGTGAATA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCGATGATCAACCTTTGACAGTGAATA	4081
QY	3540	CGGCATTTACGACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGCGGCTTGAACCAACCAAGG	3599
Db	4082	CGGCATTTACGACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGCGGCTTGAACCAACCAAGG	4141
QY	3600	CTTAAACCAAGCTTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATTAATGCGAAAGGCAATGTCATTTGACAG	3659
Db	4142	CTTAAACCAAGCTTAAGCTGACCGTGGGTAAATTAATTAATGCGAAAGGCAATGTCATTTGACAG	4201
QY	3660	CCAAATATGTTCAAAATATACCATCACAGGACTTAAGCAACACTCTAGCTAATGTTTACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAATATGTTCAAAATATACCATCACAGGACTTAAGCAACACTCTAGCTAATGTTTACCAATGA	4261
QY	3720	TAAAGGTAGCTAGCGACACCAAGGCAAGGCAATTAATTAATCAAGACGAAGCAAAACCCG	3779


```

|||||
Db 4262 TAAAGTAGCTACGCACACAGAACGGGCAATATATCAAGAGAGAACAAAACCGG 4321
QY 3780 TCCGCCACGACATTTGTTGATGTGCTAAGCCAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGTAAAC 3839
Db 4322 TCCGCCACGACATTTGTTGATGTGCTAAGCCAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGTAAAC 4381
QY 3840 GGTGACATTTGTCTCAGCTATGACACGCTCAACTTTGCGATGGGCAATGCCACCGG 3899
Db 4382 GGTGACATTTGTCTCAGCTATGACACGCTCAACTTTGCGATGGGCAATGCCACCGG 4441
QY 3900 TAAAGTACCTATGATGACACAAAGCAAGCAAAACAGTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGA 3959
Db 4442 TAAAGTACCTATGATGACACAAAGCAAGCAAAACAGTAAAGTGTCTATGATGTCAATGTGA 4501
QY 3960 TGAATACACCATTTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGCGGTAAAGCAACACACATTTGCCAG 4019
Db 4502 TGATACAAACCATTTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGCGGTAAAGCAACACACATTTGCCAG 4561
QY 4020 TACTGACACAGGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGGATGCCGTTGT 4079
Db 4562 TACTGACACAGGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGGATGCCGTTGT 4621
QY 4080 CAAGGCACTGATATCGTTGCTCATCTAAACAACCTTATCTGGGACATCCAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCACTGATATCGTTGCTCATCTAAACAACCTTATCTGGGACATCCAACTGCCAA 4681
QY 4140 AAGGGCAAGCCAAAGCAACAACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAAT 4199
Db 4682 AAGGGCAAGCCAAAGCAACAACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCAAT 4741
QY 4200 CTATGACATACCGATTAACAAGTACTATCAAGCAAAATGATGGACAGATTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACATACCGATTAACAAGTACTATCAAGCAAAATGATGGACAGATTGATTAAC 4801
QY 4260 CAAAGAGTTGGCCAAAGACAAACTGTGCGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCACTTGGC 4319
Db 4802 CAAAGAGTTGGCCAAAGACAAACTGTGCGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCACTTGGC 4861
QY 4320 TCAATATGATGTCAATTCAGTCAATTAACAAGCAACAAGTAATGATGCCAATTAAGCA 4379
Db 4862 TCAATATGATGTCAATTCAGTCAATTAACAAGCAACAAGTAATGATGCCAATTAAGCA 4921
QY 4380 AAGCATCAATGAAGCAACAGCCTTTGTTAAGGACTTGAAGAAAGCCGTTCTGATTAACA 4439
Db 4922 AAGCATCAATGAAGCAACAGCCTTTGTTAAGGACTTGAAGAAAGCCGTTCTGATTAACA 4981
QY 4440 AACCAAAAAGCCGCGAGTAAGTGTGGGTATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACACCGGTGAC 4499
Db 4982 AACCAAAAAGCCGCGAGTAAGTGTGGGTATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACACCGGTGAC 5041
QY 4500 CTTTGCAAGGGGATTAAGGCAACAGCGCTTAAGAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAGAG 4559
Db 5042 CTTTGCAAGGGGATTAAGGCAACAGCGCTTAAGAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAGAG 5101
QY 4560 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACGATATACATCGGTGTGGTGAAGGTACTGA 4619
Db 5102 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACGATATACATCGGTGTGGTGAAGGTACTGA 5161
QY 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGACAGTGA 4679
Db 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGACAGTGA 5221
QY 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGGGTGTCTTTGTAAGCTCAAGCGGTCAAGCCAAACAAA 4739
Db 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGGGTGTCTTTGTAAGCTCAAGCGGTCAAGCCAAACAAA 5281
QY 4740 CACCCCTGTGTAAAGTGAATGGGCTGGAACCTGGGTGCAAGGTATGATGATGTGGG 4799
Db 5282 CACCCCTGTGTAAAGTGAATGGGCTGGAACCTGGGTGCAAGGTATGATGATGTGGG 5341
QY 4800 CAAAGCACAAAAGATACGAGGCTGCAATGTACAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTT 4859
|||||

```

```

Db 5342 CAAAGCACAAAAGATACCGACGCTGCAATGTACAACAAGTTAAACGAATACGAACCTT 5401
QY 4860 GTTGGGTCTTTGTAATGTCTGTATATGATATACGCTGACGGCAATCAGGTAAACCTTCCCA 4919
Db 5402 GTTGGGTCTTTGTAATGTCTGTATATGATATACGCTGACGGCAATCAGGTAAACCTTCCCA 5461
QY 4920 CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTCAATCATATTAACCGCAGCTGTATCAAAACAGGAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTCAATCATATTAACCGCAGCTGTATCAAAACAGGAC 5521
QY 4980 GGTACTTGGCGGTTAAAGTATATACGATACCGAAAACTTGCAGTGGTGTATACAACT 5039
Db 5522 GTTACTTGGCGGTTAAAGTATATACGATACCGAAAACTTGCAGTGGTGTATACAACT 5581
QY 5040 GGGCGGTGATTAAGAGGCGCAACGCTTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGTCAAAACCA 5099
Db 5582 GGGCGGTGATTAAGAGGCGCAACGCTTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGTCAAAACCA 5641
QY 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCCGAGTCAACAACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCCGAGTCAACAACTA 5701
QY 5160 TTTGACCAACAAACCCGCGAGAACCCATTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5219
Db 5702 TTTGACCAACAAACCCGCGAGAACCCATTGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5761
QY 5220 CCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCTGTGTGTACAAGGGCGGTAAAGGCAATTGACITCAAG 5279
Db 5762 CCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCTGTGTGTACAAGGGCGGTAAAGGCAATTGACITCAAG 5821
QY 5280 TGCCTCAGGCAACACTCAGTGTGAGTGTTCACAGGCCCAAGGCAAGTGTGAACCCG 5339
Db 5822 TGCCTCAGGCAACACTCAGTGTGAGTGTTCACAGGCCCAAGGCAAGTGTGAACCCG 5881
QY 5340 CGTTGCCATTAAGCAGACAAACCCAGAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTATTAACGC 5399
Db 5882 CGTTGCCATTAAGCAGACAAACCCAGAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTATTAACGC 5941
QY 5400 ACAAGCAGGGGATCAATTCATGCGCATCGGTATACAGGCAATGTGTACAGSTAAAGCA 5459
Db 5942 ACAAGCAGGGGATCAATTCATGCGCATCGGTATACAGGCAATGTGTACAGSTAAAGCA 6001
QY 5460 CTCTGTGTCATGGGAGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAA 5519
Db 6002 CTCTGTGTCATGGGAGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAA 6061
QY 5520 TAAACAACGATTTACCGATGCACTCAACCGATGCTTTTGTGTGGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TAAACAACGATTTACCGATGCACTCAACCGATGCTTTTGTGTGGGCAATTAACATCAC 6121
QY 5580 CGTGACCGAAAGTAAGTCTGCTTGTAGTTTAAACTCTGCCATCAGTGCAGGACACA 5639
Db 6122 CGTGACCGAAAGTAAGTCTGCTTGTAGTTTAAACTCTGCCATCAGTGCAGGACACA 6181
QY 5640 CGCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGGCAGCAGGATGATCAACCAACCAACAGAGTGC 5699
Db 6182 CGCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGGCAGCAGGATGATCAACCAACCAACAGAGTGC 6241
QY 5700 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTGTGTGACAAACGGCGGTTGTGTGGGTCTCGGTGGGTGC 5759
Db 6242 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTGTGTGACAAACGGCGGTTGTGTGGGTCTCGGTGGGTGC 6301
QY 5760 CTCAGGTGCTGAAGCGCGTATCCAAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGATGCCACAGCAC 5819
Db 6302 CTCAGGTGCTGAAGCGCGTATCCAAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGATGCCACAGCAC 6361
QY 5820 CGATGGGTCATTAAGTGTAGCCAGTGTGTACAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAACCAAC 5879
Db 6362 CGATGGGTCATTAAGTGTAGCCAGTGTGTACAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAACCAAC 6421
QY 5880 TGAAGTTGACCATGTATCCACCAAAACGAATAAAGGCCATGACAGGATTTTCATCAGC 5939
Db 6422 TGAAGTTGACCATGTATCCACCAAAACGAATAAAGGCCATGACAGGATTTTCATCAGC 6481

```

5940 GATGGCGATGGCGTCATCCACAGCCTACATTCCTGGCAGATCATGTGTTACGGGGG 5999
|||||
6482 GATGGCGATGGCGTCATCCACAGCCTACATTCCTGGCAGATCATGTGTTACGGGGG 6541
|||||
6000 TATTTGCCACCCACAAAGGTGAGGTGGCGTGGAGCTGTCGAAGCTGTGCGATTA 6059
|||||
6542 TATTTGCCACCCACAAAGGTGAGGTGGCGTGGAGCTGTCGAAGCTGTGCGATTA 6601
|||||
6060 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAAGCCGATACCCAGGCGCATGTAAGGGCGGC 6119
|||||
6602 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAAGCCGATACCCAGGCGCATGTAAGGGCGGC 6661
|||||
6120 AGTTGGTGCAGGTTTTCACCTT 6141
|||||
6662 AGTTGGTGCAGGTTTTCACCTT 6683

RESULT 5
US-08-431-718C-1
: Sequence 1, Application US/08431718C
: Patent No. 6335018
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Ken, Sasaki
: APPLICANT: Robin, Harkness E.
: APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
: APPLICANT: Klein, Michel H.
: TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER MEMBRANE PROTEIN OF
: FILE REFERENCE: 1038-429 MIS
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/431.718C
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
: SOFTWARE: Patentin Ver. 2.1
: SEQ ID NO 1
: LENGTH: 6975
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Moraxella catarrhalis
US-08-431-718C-1

Query Match 99.6%; Score 6119; DB 4; Length 6975;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 2; Gaps 2;

1 ATGAATCATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGGCAGTGGCA 60
|||||
542 ATGAATCATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGGCAGTGGCA 601
|||||
61 GAGTACGCCAATCCACACAGCAG-66GGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
|||||
602 GAGTACGCCAATCCACACAGCAGG6GGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661
|||||
120 TGTATGCACTGAGACCTTGGCCGATTTGCCGCTGCTGCTGCTGATGGGTGCAAC 179
|||||
662 TGTATGCACTGAGACCTTGGCCGATTTGCCGCTGCTGCTGCTGATGGGTGCAAC 721
|||||
180 GCTAGTGGCAGTGTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGTGAACA 239
|||||
722 GCTAGTGGCAGTGTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGTGAACA 781
|||||
240 AAACAGGCAAGAGCTGATGAGCAGTGGCAAGGCGAGCGGTGATGCAAGCATTTGCTATTGG 299
|||||
782 AAACAGGCAAGAGCTGATGAGCAGTGGCAAGGCGAGCGGTGATGCAAGCATTTGCTATTGG 841
|||||
300 TGAATAATCTAAGCAGCAGGCGGTCAAGCCATGCGCATCGGTACTAGTAATAAATGCT 359
|||||
842 TGAATAATCTAAGCAGCAGGCGGTCAAGCCATGCGCATCGGTACTAGTAATAAATGCT 901
|||||
360 CAATGGAAGCAAGTTGATTAAGATAGTACGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGGCCAT 419
|||||
902 CAATGGAAGCAAGTTGATTAAGATAGTACGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGGCCAT 961
|||||
420 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGCATCGGTAGTGAATGACTTACA 479
|||||

|||||
962 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGCATCGGTAGTGAATGACTTACA 1021
|||||
480 TTTGCTTATATCAGCATGTTATTCCTTAACATCCGAAAGTACTGCTGATTAACGATCTTAT 539
|||||
1022 TTTGCTTATATCAGCATGTTATTCCTTAACATCCGAAAGTACTGCTGATTAACGATCTTAT 1081
|||||
540 TAACGGCATCAGTATTAATAAAGATAGCAAGTCAAGGATATGATGTAATAATATAG 599
|||||
1082 TAACGGCATCAGTATTAATAAAGATAGCAAGTCAAGGATATGATGTAATAATATAG 1141
|||||
600 ACGCAACACCCGAGCGAGACAGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGTATATGACACAGG 659
|||||
1142 ACGCAACACCCGAGCGAGACAGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGTATATGACACAGG 1201
|||||
660 TCATTTTTCGAAGCCTTTGGTACAGGGGCAACACTTAAAGTGGCTTTCCTTGGCAGT 719
|||||
1202 TCATTTTTCGAAGCCTTTGGTACAGGGGCAACACTTAAAGTGGCTTTCCTTGGCAGT 1261
|||||
720 GGGTCTTCCGCGACAGCCGAGGGCCATCTACATTCGCTATTGGTCTGATGCAACATTC 779
|||||
1262 GGGTCTTCCGCGCGACAGCCGAGGGCCATCTACATTCGCTATTGGTCTGATGCAACATTC 1321
|||||
780 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGGTACTGCTGCTACGTTACAGGGCAGTAT 839
|||||
1322 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGGTACTGCTGCTACGTTACAGGGCAGTAT 1381
|||||
840 TGCCCTAGCTCAAGGTTGCTGTTGCTACAGAGTATATATCTATACAGGGCCTATAC 899
|||||
1382 TGCCCTAGCTCAAGGTTGCTGTTGCTACAGAGTATATATCTATACAGGGCCTATAC 1441
|||||
900 ACCAATATCCAGGACACTAGAACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATAGAAAGGGCGTCC 959
|||||
1442 ACCAATATCCAGGACACTAGAACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATAGAAAGGGCGTCC 1501
|||||
960 ACTTTCATTTGGTATCTATTAACGTTAAATCATCATGTGCGGTGCAAGTGTAA 1019
|||||
1502 ACTTTCATTTGGTATCTATTAACGTTAAATCATCATGTGCGGTGCAAGTGTAA 1561
|||||
1020 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGACACTAGAAAGCGGTGGAGTGGGCTAAAGACGC 1079
|||||
1562 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGACACTAGAAAGCGGTGGAGTGGGCTAAAGACGC 1621
|||||
1080 TAGAATTAATCTTTCAGGGTATGATTAACAGTACTGAGCTAAATAATAGTTTGGATTAATC 1139
|||||
1622 TAGAATTAATCTTTCAGGGTATGATTAACAGTACTGAGCTAAATAATAGTTTGGATTAATC 1681
|||||
1140 TTTAATCTAATTAAGGTGGTGAAGACCAAGCCATTAACCGATTAATATCGGTGCTGT 1199
|||||
1682 TTTAATCTAATTAAGGTGGTGAAGACCAAGCCATTAACCGATTAATATCGGTGCTGT 1741
|||||
1200 AAAAGAGCGCTAATTAAGTGTCTGAAGTTAACTGCTAAACTTTAAACATCTTAC 1259
|||||
1742 AAAAGAGCGCTAATTAAGTGTCTGAAGTTAACTGCTAAACTTTAAACATCTTAC 1801
|||||
1260 TGAGGTGAATACACTACATTAATGCAACAACAGTAAAGTATAGTATAGTATAG 1319
|||||
1802 TGAGGTGAATACACTACATTAATGCAACAACAGTAAAGTATAGTATAGTATAG 1861
|||||
1320 TACTACAGCTGAATTAATGAGTATAGTTAACTTAAACCGACCCCATTAACAGGAGTCA 1379
|||||
1862 TACTACAGCTGAATTAATGAGTATAGTTAACTTAAACCGACCCCATTAACAGGAGTCA 1921
|||||
1380 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATATGCAAGAAC 1439
|||||
1922 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATATGCAAGAAC 1981
|||||
1440 AACACAGCAATCGGACACTACTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGCGAGATGG 1499
|||||
1982 AACACAGCAATCGGACACTACTGATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGTGCGAGATGG 2041
|||||
1500 TGATGTTGATGAAATAACAGCACATATTTGGATTAATAACACTTAAAGTGGGTAGTGT 1559
|||||

Db 2042 TGATGTTGATGAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAAAAACAATTAAAGTGGGTAGTGT 2101
OY 1560 TGCATTTACCATAGACAAATGGCATTTGATGAGGTAAATAAAGATAGTAATCTTGCCAA 1619
Db 2102 TGCATTTACCATAGACAAATGGCATTTGATGAGGTAAATAAAGATAGTAATCTTGCCAA 2161
OY 1620 AGGTAGCAGTGTCTAAAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCCAAGCCTTACTTT 1679
Db 2162 AGGTAGCAGTGTCTAAAGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCCAAGCCTTACTTT 2221
OY 1680 AAACGAGGCGCTGGCATAGTGTACACCTACTGTAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
Db 2222 AAACGAGGCGCTGGCATAGTGTACACCTACTGTAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
OY 1740 CATGTTTACCGCCCACTTAAACATTGGCGTGAAGAACCCAGCCTTAACAGTATGG 1799
Db 2282 CATGTTTACCGCCCACTTAAACATTGGCGTGAAGAACCCAGCCTTAACAGTATGG 2341
OY 1800 CACTAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGGTATGTTAGTACGAACAATAGCTTATGTTACCGCGA 1859
Db 2342 CACTAGTGAATTAATTTAGTGTAAAGGGTATGTTAGTACGAACAATAGCTTATGTTACCGCGA 2401
OY 1860 ACATTTGGCAGCTCTTAATTAAGAGTCAATGCAACGCGTGAACAGTGTCTTACAAAGCTT 1919
Db 2402 ACATTTGGCAGCTCTTAATTAAGAGTCAATGCAACGCGTGAACAGTGTCTTACAAAGCTT 2461
OY 1920 TACCGTTAAAGAAAGAGATGATGAGCGCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATAGCAC 1979
Db 2462 TACCGTTAAAGAAAGAGATGATGAGCGCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATAGCAC 2521
OY 1980 AAAAAATGCGGCGAGTGCAGCATCTTAAAGCTCAAAAGGTAAAAAAGGTCTTAAAGCTTGC 2039
Db 2522 AAAAAATGCGGCGAGTGCAGCATCTTAAAGCTCAAAAGGTAAAAAAGGTCTTAAAGCTTGC 2581
OY 2040 TACCAAAAAAGTGTGAGGTTACTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCGGTCTGACCAATGG 2099
Db 2582 TACCAAAAAAGTGTGAGGTTACTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCGGTCTGACCAATGG 2641
OY 2100 CAAAAGCACCTTAACAAAGATGCGTGTAAAGTATACCAAGCAAAATCCAAAT 2159
Db 2642 CAAAAGCACCTTAACAAAGATGCGTGTAAAGTATACCAAGCAAAATCCAAAT 2701
OY 2160 CGGTGCTAATGTCATTAATTTACTAATGTGAATGTTAGTAATCCAGTACTGCGCATTC 2219
Db 2702 CGGTGCTAATGTCATTAATTTACTAATGTGAATGTTAGTAATCCAGTACTGCGCATTC 2761
OY 2220 AAATACCGCTGCATTTACCAGAGATAAATTTGGCTTGTCTGATGTTGTCAGTTGA 2279
Db 2762 AAATACCGCTGCATTTACCAGAGATAAATTTGGCTTGTCTGATGTTGTCAGTTGA 2821
OY 2280 TACAACAAACCTTAATCTTGATCAAGACAGCTACAGTTGCAAGTTTAAGATTACCA 2339
Db 2822 TACAACAAACCTTAATCTTGATCAAGACAGCTACAGTTGCAAGTTTAAGATTACCA 2881
OY 2340 CACTGTCATTAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAAGGCGTGTCCCAACACTGCTGAGCAT 2399
Db 2882 CACTGTCATTAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAAGGCGTGTCCCAACACTGCTGAGCAT 2941
OY 2400 TCCGTCATTAAGTACGCGACATAGACTGGGCAATACAAATCCAAAGACAAATC 2459
Db 2942 TCCGTCATTAAGTACGCGACATAGACTGGGCAATACAAATCCAAAGACAAATC 3001
OY 2460 CAAGCTGCACATTAATGATATATTAATACAGCCTTAACCTTAATAAATAATACAA 2519
Db 3002 CAAGCTGCACATTAATGATATATTAATACAGCCTTAACCTTAATAAATAATACAA 3061
OY 2520 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCAATGCAATGGCCACAC 2579
Db 3062 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCAATGCAATGGCCACAC 3121
OY 2580 CGCCACAGTAACCCATGATACGCTTAACAAACAGTAAGGTATATGATGTAATGT 2639
Db 3122 CGCCACAGTAACCCATGATACGCTTAACAAACAGTAAGGTATATGATGTAATGT 3181

OY 2640 GATGATTAACAACCATTCATCTAACAGGCACTGATGACAAATTAATAAACTTGGCTCAAAAC 2699
Db 3182 GATGATTAACAACCATTCATCTAACAGGCACTGATGACAAATTAATAAACTTGGCTCAAAAC 3241
OY 2700 CACCAAACTGAACAAACAAAGTCTAATGTTAATAGCAACCTTAATGTTAATCT 2759
Db 3242 CACCAAACTGAACAAACAAAGTCTAATGTTAATAGCAACCTTAATGTTAATCT 3301
OY 2760 TATGATGAAGATGCCCTTGTTAAGCCAAAGACATGCGGAAATCTTAACACCTTAGC 2819
Db 3302 TATGATGAAGATGCCCTTGTTAAGCCAAAGACATGCGGAAATCTTAACACCTTAGC 3361
OY 2820 CAAGGAATTTCAACACCAAGGCAAGGACAGACCGCCCTCAAAACCTTACCGCTTA 2879
Db 3362 CAAGGAATTTCAACACCAAGGCAAGGACAGACCGCCCTCAAAACCTTACCGCTTA 3421
OY 2880 AAGGTAGATGAATAATTAATGCTATGACGCGCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA 2939
Db 3422 AAGGTAGATGAATAATTAATGCTATGACGCGCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA 3481
OY 2940 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTAAATTTAAAC 2999
Db 3482 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTAAATTTAAAC 3541
OY 3000 CGCAAAAAATGTTAGGTTTACCTTTGGCATTAACACCAAGGCGTCTTAACCGCGCA 3059
Db 3542 CGCAAAAAATGTTAGGTTTACCTTTGGCATTAACACCAAGGCGTCTTAACCGCGCA 3601
OY 3060 AAGCACCTTAACAGAGGCGGCTTGTCTTAATTAACCAACCCACAGTGAAGCAACAAATCCA 3119
Db 3602 AAGCACCTTAACAGAGGCGGCTTGTCTTAATTAACCAACCCACAGTGAAGCAACAAATCCA 3661
OY 3120 AGTGGTGTGATGCGGTGAAGTTTGCCAAAGTTAATTAATGTTGTTAGTGTCTGG 3179
Db 3662 AGTGGTGTGATGCGGTGAAGTTTGCCAAAGTTAATTAATGTTGTTAGTGTCTGG 3721
OY 3180 CATTTAGTGGCAGCAACCTGCAATTCAGAGATGTAATTTGGCTTACGCGGCTTAATGGCTC 3239
Db 3722 CATTTAGTGGCAGCAACCTGCAATTCAGAGATGTAATTTGGCTTACGCGGCTTAATGGCTC 3781
OY 3240 ACTTGATTAAGCAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTAACGAGTGGTAAAAAGAT 3299
Db 3782 ACTTGATTAAGCAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTAACGAGTGGTAAAAAGAT 3841
OY 3300 TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTGCCCCAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCA 3359
Db 3842 TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTGCCCCAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCA 3901
OY 3360 GATTTAGATTTTAAACCGAATCTGAAAACAAAATCAGAGTAAGGCCAAACAGCAC 3419
Db 3902 GATTTAGATTTTAAACCGAATCTGAAAACAAAATCAGAGTAAGGCCAAACAGCAC 3961
OY 3420 AAATCATTAACAGAAATTTCTCAGTACAGATGAACAGGTAAATTAATTAACGTTAGTAA 3479
Db 3962 AAATCATTAACAGAAATTTCTCAGTACAGATGAACAGGTAAATTAATTAACGTTAGTAA 4021
OY 3480 CCTTACTCCAGTTATGACACTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACTTTGCAAGTAAAA 3539
Db 4022 CCTTACTCCAGTTATGACACTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACTTTGCAAGTAAAA 4081
OY 3540 CGGTCATTTACCAAGGTTAAATGAAGTGTGGGCGGTGGGATGACCAAAACCAAG 3599
Db 4082 CGGTCATTTACCAAGGTTAAATGAAGTGTGGGCGGTGGGATGACCAAAACCAAG 4141
OY 3600 CTTAACACAGCGCTTAAGCTACCGTGGTAAATTAATTAATGAAGGCAATTTGCTACAG 3659
Db 4142 CTTAACACAGCGCTTAAGCTACCGTGGTAAATTAATTAATGAAGGCAATTTGCTACAG 4201
OY 3660 CCAAAATGTTCAAAATATACATCAACAGACTTAAGCAACACTTAATGTTAACAAATGA 3719
Db 4202 CCAAAATGTTCAAAATATACATCAACAGACTTAAGCAACACTTAATGTTAACAAATGA 4261

OY 3720 TAAAGTAGCGTAGCCACGACAGAACAGGCAATATTAATCAAGAGCAAGCAAAACCG 3779
|||||
Db 4262 TAAAGGTAGCGTAGCCACGACAGAACAGGCAATATTAATCAAGAGCAAGCAAAACCG 4321
OY 3780 TGCCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTAAAGCGCAGCGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGAAGC 3839
|||||
Db 4322 TGCCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTAAAGCGCAGCGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGAAGC 4381
OY 3840 GGTGACCTTTGCTCCACTTATAGACAGCGTCAACTTTGCCGATGGCATTGGCAGCAGCGC 3899
|||||
Db 4382 GGTGACCTTTGCTCCACTTATAGACAGCGTCAACTTTGCCGATGGCATTGGCAGCAGCGC 4441
OY 3900 TAAAGTGAACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGGTCTATGATGTCAATGTGGA 3959
|||||
Db 4442 TAAAGTGAACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGGTCTATGATGTCAATGTGGA 4501
OY 3960 TGATACAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACACTTGAACG 4019
|||||
Db 4502 TGATACAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACACTTGAACG 4561
OY 4020 TACTGGCAGAGTGGTAAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTAGTGGCGATGGCGTTGT 4079
|||||
Db 4562 TACTGGCAGAGTGGTAAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTAGTGGCGATGGCGTTGT 4621
OY 4080 CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4139
|||||
Db 4622 CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4681
OY 4140 AGGGCAAGCCAAAGGCAACACTCAAGCGGCTATGTGGATGGTGAATTAAGTCAAT 4199
|||||
Db 4682 AGGGCAAGCCAAAGGCAACACTCAAGCGGCTATGTGGATGGTGAATTAAGTCAAT 4741
OY 4200 CTATACAGACTACCGATTAACAACTACTATCAAGCCAAAAATGATGGCACAGTTGATAAAC 4259
|||||
Db 4742 CTATACAGACTACCGATTAACAACTACTATCAAGCCAAAAATGATGGCACAGTTGATAAAC 4801
OY 4260 CAAAGAGTTGGCCAAAGACAAACTGTGCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACATTTGGC 4319
|||||
Db 4802 CAAAGAGTTGGCCAAAGACAAACTGTGCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACATTTGGC 4861
OY 4320 TCAAAATGAATGTCAAAATCGTCAATTAACAAAGAACAAAGTAATGATGCCAATAAAAAGA 4379
|||||
Db 4862 TCAAAATGAATGTCAAAATCGTCAATTAACAAAGAACAAAGTAATGATGCCAATAAAAAGA 4921
OY 4380 AAGCATCAATGAAGACACAGCGCTTTGTTAAAGGACTTGAAGAGCCGCTTCTGATTAACA 4439
|||||
Db 4922 AAGCATCAATGAAGACACAGCGCTTTGTTAAAGGACTTGAAGAGCCGCTTCTGATTAACA 4981
OY 4440 AACCAAAAAACCGCCGAGTAACGTGGGTGATTTAAATGGCGTTGCCCAAAACCGCGTGAC 4499
|||||
Db 4982 AACCAAAAAACCGCCGAGTAACGTGGGTGATTTAAATGGCGTTGCCCAAAACCGCGTGAC 5041
OY 4500 CTTTGAGAGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAAAG 4559
|||||
Db 5042 CTTTGAGAGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACATCAAAAG 5101
OY 4560 TGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACGATATAATCAATCGGTGTGTGAGCAGTAAGTGA 4619
|||||
Db 5102 TGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACGATATAATCAATCGGTGTGTGAGCAGTAAGTGA 5161
OY 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACTTAACCAATCTTAACAGGTTAAATGGCAGGTG 4679
|||||
Db 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACTTAACCAATCTTAACAGGTTAAATGGCAGGTG 5221
OY 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAA 4739
|||||
Db 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAA 5281
OY 4740 CACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGCTGGAACCTGGGTGCAAGGTATCAAGTAATGTGG 4799
|||||
Db 5282 CACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGCTGGAACCTGGGTGCAAGGTATCAAGTAATGTGG 5341
OY 4800 CAAAGGCAACAAAGATTAACGA -CGCTGCCAATGTACAAACGATTAAACGAAGTACGCAACT 4858

Db 5342 CAAAGGCAACAAAGATTAACGA -CGCTGCCAATGTACAAACGATTAAACGAAGTACGCAACT 5401
|||||
OY 4859 TGTGGGTCTTGTTGATATCTGTTATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAACCAATTTGGC 4918
|||||
Db 5402 TGTGGGTCTTGTTGATATCTGTTATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAACCAATTTGGC 5461
OY 4919 ACATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCCGACTGTATCAAAAGAGCA 4978
|||||
Db 5462 ACATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCCGACTGTATCAAAAGAGCA 5521
OY 4979 CGGTACTTGGGGTTAAAGTATATACGATACCGAAAAAACTTGGCAGCTGGTGTATACAG 5038
|||||
Db 5522 CGGTACTTGGGGTTAAAGTATATACGATACCGAAAAAACTTGGCAGCTGGTGTATACAG 5581
OY 5039 TGGCGGTGATTAAGACGGCAACCGTAAACGGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5098
|||||
Db 5582 TGGCGGTGATTAAGACGGCAACCGTAAACGGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5641
OY 5099 AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAACGCGCAGGTCAAGCAACT 5158
|||||
Db 5642 AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAACGCGCAGGTCAAGCAACT 5701
OY 5159 ATTTCAGCAACACCCCGCAGAGGCAATTTGACAGAAATTAAGTAACAGTATCCGCTTCT 5218
|||||
Db 5702 ATTTCAGCAACACCCCGCAGAGGCAATTTGACAGAAATTAAGTAACAGTATCCGCTTCT 5761
OY 5219 TCCATGTCAACGATGGCATCAAGAGCCTGTGTGTAACAAAGGCGTAAACGGCATTTGACTCA 5278
|||||
Db 5762 TCCATGTCAACGATGGCATCAAGAGCCTGTGTGTAACAAAGGCGTAAACGGCATTTGACTCA 5821
OY 5279 GTGCTCAGGCAAGCACTGAGTGGGATAGTTTCCAGCCCAAGGCAATGTTGAAGCG 5338
|||||
Db 5822 GTGCTCAGGCAAGCACTGAGTGGGATAGTTTCCAGCCCAAGGCAATGTTGAAGCG 5881
OY 5339 CCGTTGCCATTAGGCAACAAACCCCAAGCAGCAACCAATCCATCCGATCGGTGATAAG 5398
|||||
Db 5882 CCGTTGCCATTAGGCAACAAACCCCAAGCAGCAACCAATCCATCCGATCGGTGATAAG 5941
OY 5399 CACAAGCCAGGGCGATCAATCAATCGCCATCGGTGTAACAGGCAATGTTAGCAGTAAAGC 5458
|||||
Db 5942 CACAAGCCAGGGCGATCAATCAATCGCCATCGGTGTAACAGGCAATGTTAGCAGTAAAGC 6001
OY 5459 ACTGTGGTCCATGCGGCGACCCCAAGCACTGTAAGGCTGATTAAGTAAAGTAAAGTGGGTA 5518
|||||
Db 6002 ACTGTGGTCCATGCGGCGACCCCAAGCACTGTAAGGCTGATTAAGTAAAGTAAAGTGGGTA 6061
OY 5519 ATTACAAACAGTTTACCGATGGCACTCAAAACCGATGTCTTGTGGTGGCAATTAACATCA 5578
|||||
Db 6062 ATTACAAACAGTTTACCGATGGCACTCAAAACCGATGTCTTGTGGTGGCAATTAACATCA 6121
OY 5579 CCGTGACGGAAGTAACTCGGTTGCCCTTAGTTCAAACTCTGCAATCAAGTGCAGGCAAC 5638
|||||
Db 6122 CCGTGACGGAAGTAACTCGGTTGCCCTTAGTTCAAACTCTGCAATCAAGTGCAGGCAAC 6181
OY 5639 ACGGAGGCAACAAAGCAAAATCGAGGACAGCAAGGTAACCAACCAAGCAGGAGG 5698
|||||
Db 6182 ACGGAGGCAACAAAGCAAAATCGAGGACAGCAAGGTAACCAACCAAGCAGGAGG 6241
OY 5699 CAACCGGTACGGTTTAAAGGCTTTGCTGACAAAGCGCGTGTGGTGGTCTCCGTGGGTG 5758
|||||
Db 6242 CAACCGGTACGGTTTAAAGGCTTTGCTGACAAAGCGCGTGTGGTGGTCTCCGTGGGTG 6301
OY 5759 CCTCAGGTGCTGAACCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTAGGTCAAGTGCACACGCA 5818
|||||
Db 6302 CCTCAGGTGCTGAACCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGGTAGGTCAAGTGCACACGCA 6361
OY 5819 CCGATGCGGTCAATGGTATACCGATTGTAACAAAGCCCAACCAAGCAATTTGCAACGCAACCA 5878
|||||
Db 6362 CCGATGCGGTCAATGGTATACCGATTGTAACAAAGCCCAACCAAGCAATTTGCAACGCAACCA 6421
OY 5879 ATGAGCTTGACCATGTTATCAACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGAGGATTTGATCAG 5938
|||||

Db 6422 ATGAGCTTGACCATGATCCACCAAAAGAAATAGGCCAATGAGGATTTTCATCAG 6481
QY 5939 CGATGGCATGGCGTCATGCCACAAGCCTACATTCCTGGCGATGCCATGGTTACGGGG 5998
Db 6482 CGATGGCATGGCGTCATGCCACAAGCCTACATTCCTGGCGATGCCATGGTTACGGGG 6541
QY 5999 GTATTGCCACCCACAAGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCGATA 6058
Db 6542 GTATTGCCACCCACAAGCGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCGATA 6601
QY 6059 ATGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGAAGCCATGAGGGCGG 6118
Db 6602 ATGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGAAGCCATGAGGGCGG 6661
QY 6119 CAGTGGTGACGGTTTCACTTT 6141
Db 6662 CAGTGGTGACGGTTTCACTTT 6684

RESULT 6

US-08-621-944A-2

; Sequence 2, Application US/08621944A
; Patent No. 6440425

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: SASAKI, Ken

; APPLICANT: HARKNESS, Robin E.

; APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.

; APPLICANT: KLEIN, Michel H.

; TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER

; TITLE OF INVENTION: MEMBRANE PROTEIN OF MORAXELLA

; NUMBER OF SEQUENCES: 10

; CORRESPONDENCE ADDRESS:

; ADDRESSEE: Sim & McBurney

; STREET: Suite 701, 330 University Avenue

; CITY: Toronto

; STATE: Ontario

; COUNTRY: Canada

; ZIP: M5G 1R7

; COMPUTER READABLE FORM:

; MEDIUM TYPE: Floppy disk

; OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible

; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30

; CURRENT APPLICATION DATA:

; APPLICATION NUMBER: US/08/621,944A

; FILING DATE: 26-MAR-1996

; CLASSIFICATION:

; PRIOR APPLICATION DATA:

; APPLICATION NUMBER: US 08/478,370

; FILING DATE: 07-JUN-1995

; CLASSIFICATION:

; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

; NAME: Stewart, Michael I

; REGISTRATION NUMBER: 24,973

; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 1038-587

; TELECOMMUNICATION INFORMATION:

; TELEPHONE: (416) 595-1155

; TELEFAX: (416) 595-1163

; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:

; SEQUENCE CHARACTERISTICS:

; LENGTH: 5976 base pairs

; TYPE: nucleic acid

; STRANDEDNESS: single

; TOPOLOGY: linear

US-08-621-944A-2

Query Match 97.3%; Score 5976; DB 4; Length 5976;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 166 GTGATCGGTGGCAAGCTGAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 225
|||||
Db 1 GTGATCGGTGGCAAGCTGAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 60

QY 226 GCAATTGGAACAAACACGCAAGCGCTCAGGACATGCCAAGGCGGAGGTATGCA 285
|||||
Db 61 GCAATTGGAACAAACACGCAAGCGCTCAGGACATGCCAAGGCGGAGGTATGCA 120
QY 286 GCCATTGCTATTGTTGTAATAATGCTTAACGCAAGGCGGTCAACGCCATCCCATCGGTAGT 345
|||||
Db 121 GCCATTGCTATTGTTGTAATAATGCTTAACGCAAGGCGGTCAACGCCATCCCATCGGTAGT 180
QY 346 AGTAATAAATCTGTCAATGGAAGCACTTTGATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAA 405
|||||
Db 181 AGTAATAAATCTGTCAATGGAAGCACTTTGATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAA 240
QY 406 GAGTCCATGCCATCGGTGCTGATGTAAGGCTAGTGGTGAATGCCATTCGATTCGATTCG 465
|||||
Db 241 GAGTCCATGCCATCGGTGCTGATGTAAGGCTAGTGGTGAATGCCATTCGATTCGATTCG 300
QY 466 AGTATGACTTACATTTGCTGTGATGATGATGTAATCCTAAACATCCGAAGGTACTGTG 525
|||||
Db 301 AGTATGACTTACATTTGCTGTGATGATGATGTAATCCTAAACATCCGAAGGTACTGTG 360
QY 526 ATTAACGATCTTATTAACGCGCATGCGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAAAGATAT 585
|||||
Db 361 ATTAACGATCTTATTAACGCGCATGCGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAAAGATAT 420
QY 586 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGGACAGCGGACAGTACGTCAGTGGAGGCATG 645
|||||
Db 421 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGGACAGCGGACAGTACGTCAGTGGAGGCATG 480
QY 646 TCATATGCAACAGGTCATTTTCCAAAGCCCTTGTGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGC 705
|||||
Db 481 TCATATGCAACAGGTCATTTTCCAAAGCCCTTGTGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGC 540
QY 706 TATTCCTTGGCAGTGGCTTGTGCGCCACAGCCGAGGCCAATCTAACATTCGATTTGCT 765
|||||
Db 541 TATTCCTTGGCAGTGGCTTGTGCGCCACAGCCGAGGCCAATCTAACATTCGATTTGCT 600
QY 766 TCTGATGCAACATCTAGCTGCTGGGAGGATGATGAGCCCTTGTGTGCTGCTGCTG 825
|||||
Db 601 TCTGATGCAACATCTAGCTGCTGGGAGGATGATGAGCCCTTGTGTGCTGCTGCTGCTG 660
QY 826 CTACAGGCGAGTATGCCCTAGGTCAAGTGTCTGTGTCTACAGAGTATATATATCT 885
|||||
Db 661 CTACAGGCGAGTATGCCCTAGGTCAAGTGTCTGTGTCTACAGAGTATATATATCT 720
QY 886 AGACGGGCTATACACCAATACAGGACCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAT 945
|||||
Db 721 AGACGGGCTATACACCAATACAGGACCTAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAT 780
QY 946 ACGAAGGCGGTCACATTTCCATTTGATGATCTATCAACGCTAAATCATCATATGTC 1005
|||||
Db 781 ACGAAGGCGGTCACATTTCCATTTGATGATCTATCAACGCTAAATCATCATATGTC 840
QY 1006 GGTGAGGTGTTAATTAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 1065
|||||
Db 841 GGTGAGGTGTTAATTAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 900
QY 1066 TGGGCTAAGGAGCGTGAATTTACTTTTCAAGGGGATGATTAACGTAAGTAATAA 1125
|||||
Db 901 TGGGCTAAGGAGCGTGAATTTACTTTTCAAGGGGATGATTAACGTAAGTAATAA 960
QY 1126 GGTGATGATTAATTAATTAAGGTGGGAGAGACCAACGATTAACCGATTAAT 1185
|||||
Db 961 GGTGATGATTAATTAATTAAGGTGGGAGAGACCAACGATTAACCGATTAAT 1020
QY 1186 AATATCGGTGTGTAAGAGCGCTGATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGCTAAACT 1245
|||||
Db 1021 AATATCGGTGTGTAAGAGCGCTGATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGCTAAACT 1080
QY 1246 TTAAACAACTTACTAGGTGAATTAACCTACTTAAATGCCCACACAGTTAAGGTA 1305
|||||
Db 1081 TTAAACAACTTACTAGGTGAATTAACCTACTTAAATGCCCACACAGTTAAGGTA 1140

QY	1306	GGTACTAGTACTAGTACTACTACAGCTGTAATTTATGACGTAGTAAGTTTAACCTTTACCCAGCCC	1365
Db	1141	GGTACTAGTACTAGTACTACTACAGCTGTAATTTATGAGTAGTATTAACTTTACCCAGCCC	1200
QY	1366	AATACAGCAGTCAAGGACGAAGCAAAACCCGCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT	1425
Db	1201	AATACAGGAGTCAAGGACGAAGCAAAACCGTCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT	1260
QY	1426	AATTAATGCAGAAACAACAGCAGCAATCGGCCTACTCGTATTTATCCAGAGATTAATAANTGGC	1485
Db	1261	AATTAATGCAGAAACAACAGCAGCAATCGGCCTACTCGTATTTATCCAGAGATTAATAANTGGC	1320
QY	1486	TTTGGCTCGAGTGTGATGTTGATGAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAACTT	1545
Db	1321	TTTGGCTCGAGTGTGATGTTGATGAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAACTT	1380
QY	1546	AAAGTGGGTAGTGTGGCAATTAACCATAGACAATGGCATTTGATGACAGGTAAATAAAGATTC	1605
Db	1381	AAAGTGGGTAGTGTGGCAATTAACCATAGACAATGGCATTTGATGACAGGTAAATAAAGATTC	1440
QY	1606	ACTAATCTTGGCAAAAGGTGAGCAGTGTACAGATGGCGTTACCATCGAACAGGTCAAAAGCC	1665
Db	1441	ACTAATCTTGGCAAAAGGTGAGCAGTGTACAGATGGCGTTACCATCGAACAGGTCAAAAGCC	1500
QY	1666	GCCAAAGCCTACTTTAAACGACAGGCGCTGGCATCAGTGCACACCTTACTGAATATTCAGTT	1725
Db	1501	GCCAAAGCCTACTTTAAACGACAGGCGCTGGCATCAGTGCACACCTTACTGAATATTCAGTT	1560
QY	1726	GATGCTAAGAGTGGCAATGTTACCGGCCCACTTACAAACATTGGGTGGAAACCCAGCGAG	1785
Db	1561	GATGCTAAGAGTGGCAATGTTACCGGCCCACTTACAAACATTGGGTGGAAACCCAGCGAG	1620
QY	1786	CTTAAACAGTGAATGGCACTAGTGATTAATTTAGTTTAAGGGTAGTGGTACGAACAATATGC	1845
Db	1621	CTTAAACAGTGAATGGCACTAGTGATTAATTTAGTTTAAGGGTAGTGGTACGAACAATATGC	1680
QY	1846	TTTAGTTACCGGCCGAACATTTTGGCAACCTTCTTAATGAAGTCAANTGGAAACGGCTGACGT	1905
Db	1681	TTTAGTTACCGGCCGAACATTTTGGCAACCTTCTTAATGAAGTCAANTGGAAACGGCTGACGT	1740
QY	1906	GCTCTCAAAAGCTTTTACCGTTTAAAGAAAGAGACATGATGACGCCCAACGCTATCACCGTG	1965
Db	1741	GCTCTCAAAAGCTTTTACCGTTTAAAGAAAGAGACATGATGACGCCCAACGCTATCACCGTG	1800
QY	1966	GCTTAAAGATATCGACAAATAAATGCCGGCGCGATGACATCTTAAATACTCAAAAGGTAAATAAC	2025
Db	1801	GCTTAAAGATATCGACAAATAAATGCCGGCGCGATGACATCTTAAATACTCAAAAGGTAAATAAC	1860
QY	2026	GGTCTAACGGTTTCTCAACAAAAGAATGTACGGGTTACCTTTGGGCTTTAGCCAAGATAGC	2085
Db	1861	GGTCTAACGGTTTCTCAACAAAAGAATGTACGGGTTACCTTTGGGCTTTAGCCAAGATAGC	1920
QY	2086	GGTCTGACCAATTTGGCAAAAGCACCCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC	2145
Db	1921	GGTCTGACCAATTTGGCAAAAGCACCCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC	1980
QY	2146	GAACAATAATCCAAAGTCGGTGTATTTGGCATTAATTTCTATATGGAATGGTAGTAATACCA	2205
Db	1981	GAACAATAATCCAAAGTCGGTGTATTTGGCATTAATTTCTATATGGAATGGTAGTAATACCA	2040
QY	2206	GGTACTGGGCAATTCGCAATATACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGGCTGTTCT	2265
Db	2041	GGTACTGGGCAATTCGCAATATACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTTGGCTGTTCT	2100
QY	2266	GATGTGTCACTTGTATACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGCAAGCTTACAAAGTTGGCAAT	2325
Db	2101	GATGTGTCACTTGTATACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGCAAGCTTACAAAGTTGGCAAT	2160
QY	2326	GTTAAAGATTTCACAAACATCTGGCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGCTGTCCCA	2385
Db	2161	GTTAAAGATTTCACAAACATCTGGCATTAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGCTGTCCCA	2220
QY	2386	ACACGTGCTAGCATTTGCCGATCAAGTAGCCGCAACATAGACTGGGCATACATATCCAA	2445

Db	2221	ACACTGCTAGCATTTGCCGATTCAAAGTAGCCGCAACTAGACCTGGGCATACATGCCA	2280
Qy	2446	GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGATTATGATATATTAAATACAGCTTTAACCTA	2505
Db	2281	GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGATTATATATATTAAATACAGCTTTAACCTA	2340
Qy	2506	AAAATATATCAACCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGCAATTTGTGACTTTGCCAAT	2565
Db	2341	AAAATATATCAACCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGCAATTTGTGACTTTGCCAAT	2400
Qy	2566	GGCAATGCGCACCGCACAGTAACCCATGATACGCTTAACAAACAGTAAGTGTTA	2625
Db	2401	GGCAATGCGCACCGCACAGTAACCCATGATACGCTTAACAAACAGTAAGTGTTA	2460
Qy	2626	TATGATGTGATGTGTGATATCAACCCATTATCTTAACAGGCACTGATGCAATAAAAA	2685
Db	2461	TATGATGTGATGTGTGATATCAACCCATTATCTTAACAGGCACTGATGCAATAAAAA	2520
Qy	2686	CTTGCGCTCAAAACCCACCAACTGCAAAACCAAGTGTAATGGTAATACGCAACTTAC	2745
Db	2521	CTTGCGCTCAAAACCCACCAACTGCAAAACCAAGTGTAATGGTAATACGCAACTTAC	2580
Qy	2746	TTTAATGTTAACTCTAGTATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATGCCGAAAT	2805
Db	2581	TTTAATGTTAACTCTAGTATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATGCCGAAAT	2640
Qy	2806	CTAAACACCCTTAGCCAAAGAAATTCACACCCAAAGGCAAGAGACACGCCCTCAAA	2865
Db	2641	CTAAACACCCTTAGCCAAAGAAATTCACACCCAAAGGCAAGAGACACGCCCTCAAA	2700
Qy	2866	ACCTTTACCCTTAAAAAGGTAGATGAATAATATAATATGCTGATGACGCCACGCCATCAC	2925
Db	2701	ACCTTTACCCTTAAAAAGGTAGATGAATAATATAATATGCTGATGACGCCACGCCATCAC	2760
Qy	2926	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCACTCAACACCCATCACTCAAAAGTGAAACCGGT	2985
Db	2761	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCACTCAACACCCATCACTCAAAAGTGAAACCGGT	2820
Qy	2986	CTTAATATTAAAAACGCAAAATATGTAACGCTTACCTTTGGCATTTACCAACAAGCGGT	3045
Db	2821	CTTAATATTAAAAACGCAAAATATGTAACGCTTACCTTTGGCATTTACCAACAAGCGGT	2880
Qy	3046	CTTAAGCCCGGAAAGACCCCTAAGCAGGCTGCTGTCTATTAAAAACCCCACTGGT	3105
Db	2881	CTTAAGCCCGGAAAGACCCCTAAGCAGGCTGCTGTCTATTAAAAACCCCACTGGT	2940
Qy	3106	ACGGAACAATCCAAAGTGGTGCTGATGCGCTGAAGTTGGCCAAAGTTAATATATATGGT	3165
Db	2941	ACGGAACAATCCAAAGTGGTGCTGATGCGCTGAAGTTGGCCAAAGTTAATATATGGT	3000
Qy	3166	GTTTGTAGTGTGCTGCGCATTTGATGGCACACTGCGCATTTACCAAGAGTAAGTAATGGCTTACT	3225
Db	3001	GTTTGTAGTGTGCGCATTTGATGGCACACTGCGCATTTACCAAGAGTAAGTAATGGCTTACT	3060
Qy	3226	GGGACTAATAGGCTCACTTTGATAAAAAGCAACCCCACTTAAGCAAAAGAGCGCTTAAGCA	3285
Db	3061	GGGACTAATAGGCTCACTTTGATAAAAAGCAACCCCACTTAAGCAAAAGAGCGCTTAAGCA	3120
Qy	3286	GGTGTAAAAAGATTACCAACTTCATTCAGGTGAGATTTGCCAAACAGCCATATGCT	3345
Db	3121	GGTGTAAAAAGATTACCAACTTCATTCAGGTGAGATTTGCCAAACAGCCATATGCT	3180
Qy	3346	GTGACAGGGGGCAAGTTATATGATTTAAAAACCGAACTTGAAACAAAATCGCAGTACT	3405
Db	3181	GTGACAGGGGGCAAGTTATATGATTTAAAAACCGAACTTGAAACAAAATCGCAGTACT	3240
Qy	3406	GCCAAATACGACAAATCACTATTACACGATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGTATATAC	3465
Db	3241	GCCAAATACGACAAATCACTATTACACGATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGTATATAC	3300
Qy	3466	TTTACGTTAGTAACCTTACTCGATTATGACACTCAAAACCTCTGATGTCAATGACC	3525

Db 3301 TTTACGGTTAGTAACTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACC 3360
QY 3526 TTTGACGGTGAAGGCGATTACCAAGSTAATAAGTGTGGGCGTGGGCGATT 3585
Db 3361 TTTGACGGTGAAGGCGATTACCAAGSTAATAAGTGTGGGCGTGGGCGATT 3420
QY 3586 GACCAACCAAGGCTTAACACACGCTTAAGCTAGCGTGGGTATAATAATATGCAAGGC 3645
Db 3421 GACCAACCAAGGCTTAACACGCTTAAGCTAGCGTGGGTATAATAATATGCAAGGC 3480
QY 3646 ATTGTCATTGACACCAAAATGCTCAAAATACATCAGAGCTTAAGCAACTCTAGCT 3705
Db 3481 ATTGTCATTGACACCAAAATGCTCAAAATACATCAGAGCTTAAGCAACTCTAGCT 3540
QY 3706 AATGTTACCAATGATAAGGTAGCGTACGACACAGAACAGGCGAATATAATCAAGAC 3765
Db 3541 AATGTTACCAATGATAAGGTAGCGTACGACACAGAACAGGCGAATATAATCAAGAC 3600
QY 3766 GAAGACAAAACCCGTCGCCGACGATGTTGATGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAA 3825
Db 3601 GAAGACAAAACCCGTCGCCGACGATGTTGATGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAA 3660
QY 3826 GGCATATGTTGACGCGGTTGACTTTGCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTGGCGATGCG 3885
Db 3661 GGCATATGTTGACGCGGTTGACTTTGCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTGGCGATGCG 3720
QY 3886 AATGACCAACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACCGTAAGGTGCTAT 3945
Db 3721 AATGACCAACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACCGTAAGGTGCTAT 3780
QY 3946 GATGTCAAATGATGATATACAACTTGAAGTAAAGATAAAAACTTGGCGTAAAAACC 4005
Db 3781 GATGTCAAATGATGATATACAACTTGAAGTAAAGATAAAAACTTGGCGTAAAAACC 3840
QY 4006 ACCACATTTGACCGCTACTGCGACAGGTGCTAAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGTACT 4065
Db 3841 ACCACATTTGACCGCTACTGCGACAGGTGCTAAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGTACT 3900
QY 4066 GGGGATGCGGTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGCTATGATTAACACCTTATGCGGAC 4125
Db 3901 GGGGATGCGGTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGCTATGATTAACACCTTATGCGGAC 3960
QY 4126 ATCCAACTGCGCAAGGCGGCAAGCCAAAGCAACCTCAGCAGGCTATGATGCTGAT 4185
Db 3961 ATCCAACTGCGCAAGGCGGCAAGCCAAAGCAACCTCAGCAGGCTATGATGCTGAT 4020
QY 4186 GGCATTAAGGTCACTATGACAGTACCAGATACAAAGTACTATCAAGCCAAATGATGCGC 4245
Db 4021 GGCATTAAGGTCACTATGACAGTACCAGATACAAAGTACTATCAAGCCAAATGATGCGC 4080
QY 4246 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAACTGTGGCCCAAGGCCAAACCCCA 4305
Db 4081 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAACTGTGGCCCAAGGCCAAACCCCA 4140
QY 4306 GATGGCAGATTTGGCTCAATGAATGTCAAATCAGTCTTAAACAAAGAACAGTAATGAT 4365
Db 4141 GATGGCAGATTTGGCTCAATGAATGTCAAATCAGTCTTAAACAAAGAACAGTAATGAT 4200
QY 4366 GCCAATTAAGGCAAGGCGCATTAAGAGACAGCCCTTTTAAAGGACTTGAAGAACGCC 4425
Db 4201 GCCAATTAAGGCAAGGCGCATTAAGAGACAGCCCTTTTAAAGGACTTGAAGAACGCC 4260
QY 4426 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCGCGAGTAACTGTGGGTATTAATGCGGTTGCC 4485
Db 4261 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCGCGAGTAACTGTGGGTATTAATGCGGTTGCC 4320
QY 4486 CAAGACCGGCTGACCTTTGACAGGGATACAGGCAACGCGCTAAAAAATGCGGAGACT 4545
Db 4321 CAAGACCGGCTGACCTTTGACAGGGATACAGGCAACGCGCTAAAAAATGCGGAGACT 4380
QY 4546 TTGACCATCAAGAGGTGGGCAAGACAGACCAATTAAGCTAACGATAATTAACATCGGTGTG 4605
Db 4381 TTGACCATCAAGAGGTGGGCAAGACAGACCAATTAAGCTAACGATAATTAACATCGGTGTG 4440

QY 4606 GTAGCAGTACTGTGGCTTCACGTGCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGC 4665
Db 4441 GTAGCAGTACTGTGGCTTCACGTGCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGC 4500
QY 4666 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGT 4725
Db 4501 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGT 4560
QY 4726 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAGTCCAAATGCGCTGGAGCTGGTGGCAAGGTC 4785
Db 4561 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAGTCCAAATGCGCTGGAGCTGGTGGCAAGGTC 4620
QY 4786 ATCAGTATGTTGGGCAAGGCAACAAAGATACGAGCGCTCCAAATGACAAAGTTAAAC 4845
Db 4621 ATCAGTATGTTGGGCAAGGCAACAAAGATACGAGCGCTCCAAATGACAAAGTTAAAC 4680
QY 4846 GAAGTACGCAACTTGTGGGCTTTGTTGATGCTGTTAATGATAACGCTGACGCGCAATCAG 4905
Db 4681 GAAGTACGCAACTTGTGGGCTTTGTTGATGCTGTTAATGATAACGCTGACGCGCAATCAG 4740
QY 4906 GTAAACATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATTAACCGCACTGTC 4965
Db 4741 GTAAACATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATTAACCGCACTGTC 4800
QY 4966 ATCAAGCAGGCAACGGTACTTGGCGGTTAAAGGTAAATACGATCCGAAAAACTTGGCCT 5025
Db 4801 ATCAAGCAGGCAACGGTACTTGGCGGTTAAAGGTAAATACGATCCGAAAAACTTGGCCT 4860
QY 5026 GGTGTTATACAGTGGGCGTGGATTAAGAGCGCAACGCTAAACGCGATTTAAGCAATGTT 5085
Db 4861 GGTGTTATACAGTGGGCGTGGATTAAGAGCGCAACGCTAAACGCGATTTAAGCAATGTT 4920
QY 5086 TTGGTCAAAACCCCAAAAAAGATGCGACGCAAAAAAGCCCTGCTCGCACTTTAAAGCGCGCA 5145
Db 4921 TTGGTCAAAACCCCAAAAAAGATGCGACGCAAAAAAGCCCTGCTCGCACTTTAAAGCGCGCA 4980
QY 5146 GGTGACGCAACTTGTGACCAACCAACCGCGACAAACCTTACGACAAATTAATGAACAA 5205
Db 4981 GGTGACGCAACTTGTGACCAACCAACCGCGACAAACCTTACGACAAATTAATGAACAA 5040
QY 5206 GGTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCGCAATCAAGAGCCGTGTGTACAAGGCGGTAC 5265
Db 5041 GGTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCGCAATCAAGAGCCGTGTGTACAAGGCGGTAC 5100
QY 5266 GGCATTAACCTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCCAAGGCA 5325
Db 5101 GGCATTAACCTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCCAAGGCA 5160
QY 5326 GATGTTGAACCGGCGTGGCATGAGGAGCAAAACCCCAAGGCAACCAATCATGCGC 5385
Db 5161 GATGTTGAACCGGCGTGGCATGAGGAGCAAAACCCCAAGGCAACCAATCATGCGC 5220
QY 5386 ATCGGTGATTAACGCAAGGCGACGCGGATCAATTCATTCGCGATCGGTACAGGCAATGTG 5445
Db 5221 ATCGGTGATTAACGCAAGGCGACGCGGATCAATTCATTCGCGATCGGTACAGGCAATGTG 5280
QY 5446 GTAGCAGTAAAGCACTTGTGCTGCTATGCGGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGT 5505
Db 5281 GTAGCAGTAAAGCACTTGTGCTGCTATGCGGACCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAAGT 5340
QY 5506 TACAGTGGGTTAATACCAACCGATTACCGATGCGCACTCAAAACCGTCTTGGTGTG 5565
Db 5341 TACAGTGGGTTAATACCAACCGATTACCGATGCGCACTCAAAACCGTCTTGGTGTG 5400
QY 5566 GGCATTAACATCACCGGTGACCGAAAGTAATCGGTTCCCTTAGTTCAAACTGTCATC 5625
Db 5401 GGCATTAACATCACCGGTGACCGAAAGTAATCGGTTCCCTTAGTTCAAACTGTCATC 5460
QY 5626 AGTGACGACACAGCAGGCGACCAAGCCAAAAATCTGACGCGACAGAGGTACAAAC 5685
Db 5461 AGTGACGACACACAGCAGGCGACCAAGCCAAAAATCTGACGCGACAGAGGTACAAAC 5520

[illegible]

Oy	2446	GACAAAGCAAAATCCAAAGCGTCCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTA	2505
Db	2281	GACAAAGCAAAATCCAAAGCGTCCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTA	2340
Oy	2506	AAAAATATTAACAAACCCCATTGACTTTGTCTCCATTAATGACATGTTGACTTGGCAAT	2565
Db	2341	AAAAATATTAACAAACCCCATTGACTTTGTCTCCATTAATGACATGTTGACTTGGCAAT	2400
Oy	2566	GGCATGCGACACCGCCACAGTAACCATGATACCGCTAACAAAACAGTAAGTGTGA	2625
Db	2461	TATGATGTGAAATGTGGATGATCAACCAATTCCTCAACAGGACATGATGACAAATAAAAA	2685
Oy	2686	CTTGCGCTCAAAACACCCAACTGAACAACAACMACTGCTAATGCTAATACAGCACTAAC	2745
Db	2521	CTTGCGCTCAAAACACCCAACTGAACAACAACAAGTGTGAATGTAATACAGCACTAAC	2580
Oy	2746	TTTAAATGTTAACTAGTATGATGAAGTATGCTTTGTTAAAGCCAAAGACATGCGCGAAAT	2805
Db	2581	TTTAAATGTTAACTAGTATGATGAAGTATGCTTTGTTAAAGCCAAAGACATGCGCGAAAT	2640
Oy	2806	CTTAAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACACCAAGGACAGACAGACACCCCTACAA	2865
Db	2641	CTTAAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACACCAAGGACAGACAGACACCCCTACAA	2700
Oy	2866	ACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC	2925
Db	2701	ACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC	2760
Oy	2926	GTTGGTCAAAAACAGCAAAATATATCAAGCAACACCCCTAACACTCAAAAGTAAACGGT	2985
Db	2761	GTTGGTCAAAAACAGCAAAATATATCAAGCTCAACACCCCTAACACTCAAAAGTAAACGGT	2820
Oy	2986	CTTAAATATTTAAAAACCGCAAAAAATGGTACGGTTACCTTTGGCATTTAACCAACAAGCGT	3045
Db	2821	CTTAAATATTTAAAAACCGCAAAAAATGGTACGGTTACCTTTGGCATTTAACCAACAAGCGT	2880
Oy	3046	CTTAAAGCCGGAANAAGCAACCCCTAANACAGCGGTGCTGTCTATTAATAAAACCCCACTG	3105
Db	2881	CTTAAAGCCGGAANAAGCAACCCCTAANACAGCGGTGCTGTCTATTAATAAAACCCCACTG	2940
Oy	3106	AGCGAACAATCAAGTGCAGTGCCTGATGAGCGGTGAAGTTTGGCAAGGTAATTAATATGT	3165
Db	2941	AGCGAACAATCAAGTGCAGTGCCTGATGAGCGGTGAAGTTTGGCAAGGTAATTAATATGT	3000
Oy	3166	GTTGTAAGTGTGCAATTTGATGGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTTGTAAGTGTGCAATTTGATGGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3060
Oy	3226	GGGACTAATGGTCACTTGATTAANAAGCAACCCCACTAGAGAAAGGCGGCTTTAACGA	3285
Db	3061	GGGACTAATGGTCACTTGATTAANAAGCAACCCCACTAGAGAAAGGCGGCTTTAACGA	3120
Oy	3286	GGTGTAAAAAAGATTACCAACAATTCATTCAGGTGAGATTGCCCAAAACAGCCATGATGT	3345
Db	3121	GGTGTAAAAAAGATTACCAACAATTCATTCAGGTGAGATTGCCCAAAACAGCCATGATGT	3180
Oy	3346	GTCACAGGCGGCAAGATTTATGATTTTAAAAACCGAACTTGAANAACAAAATCAGCACT	3405
Db	3181	GTCACAGGCGGCAAGATTTATGATTTTAAAAACCGAACTTGAANAACAAAATCAGCACT	3240
Oy	3406	GCCAAACAGCAACAACACTATTACACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAAGTAATAAC	3465
Db	3241	GCCAAACAGCAACAACACTATTACACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAAGTAATAAC	3300
Oy	3466	TTTACGTTAGTAAACCTTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAAC	3525
Db	3301	TTTACGTTAGTAAACCTTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAAC	3360

OY 3526 TTTCAGGTGAAAGCGCATTTACCAAGCTAAATAAGGTGTGTCGCTGGGCATTT 3585
|||||
Db 3361 TTTTCAGGTGAAAGCGCATTTACCAAGCTAAATAAGGTGTGTCGCTGGGCATTT 3420
OY 3586 GACCAAAACCAAGGCTTTACCAAGCTTTAGCTGACCGTGGGTAAATTAATGCGCAAGGC 3645
|||||
Db 3421 GACCAAAACCAAGGCTTTACCAAGCTTTAGCTGACCGTGGGTAAATTAATGCGCAAGGC 3480
OY 3646 ATTGCATTGACAGCAAAATGTGTCAAAATACCATACAGAGCTAAGCAACACTAGCT 3705
3481 ATTGCATTGACAGCAAAATGTGTCAAAATACCATACAGAGCTAAGCAACACTAGCT 3540
OY 3706 AATGTTACCAATGATTAAGTAGCGGTACGACACAGACAGGCAATATTAATCAAGAC 3765
|||||
Db 3541 AATGTTACCAATGATTAAGTAGCGGTACGACACAGACAGGCAATATTAATCAAGAC 3600
OY 3766 GAAGCAAAACCCGTCGCGCCAGCATGTGTGATGCTAAGGCGAGGCTTTAACTTGCA 3825
|||||
Db 3601 GAAGCAAAACCCGTCGCGCCAGCATGTGTGATGCTAAGGCGAGGCTTTAACTTGCA 3660
OY 3826 GGCATGTGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCACTTGGCGATGCG 3885
|||||
Db 3661 GGCATGTGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCACTTGGCGATGCG 3720
OY 3886 AATGCCACGACGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAGCAAAACAGTAAGTGGTCTAT 3945
|||||
Db 3721 AATGCCACGACGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAGCAAAACAGTAAGTGGTCTAT 3780
OY 3946 GATGTCATGTGTGATGATCAACCAATTGAAGTAAAGATAAAAAATTGGCGCTAAAAAC 4005
3781 GATGTCATGTGTGATGATCAACCAATTGAAGTAAAGATAAAAAATTGGCGCTAAAAAC 3840
OY 4006 ACCACATTTACCAAGTACTGCGACAGGTGCTATAAATTTGGCTTAAGCAATAGCTACT 4065
|||||
Db 3841 ACCACATTTACCAAGTACTGCGACAGGTGCTATAAATTTGGCTTAAGCAATAGCTACT 3900
OY 4066 GGGGATGCGCTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGTCTCATCTAAGCACTTATCTGGCGAC 4125
|||||
Db 3901 GGGGATGCGCTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGTCTCATCTAAGCACTTATCTGGCGAC 3960
OY 4126 ATCCAAATGTCCAAAAGGCGCAGGCAAGGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGAT 4185
|||||
Db 3961 ATCCAAATGTCCAAAAGGCGCAGGCAAGGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGAT 4020
OY 4186 GGCATTAAGGTCTATATGACATACGATACGATTAACAACTATCAAGCCAAAAATGATGCG 4245
|||||
Db 4021 GGCATTAAGGTCTATATGACATACGATACGATTAACAACTATCAAGCCAAAAATGATGCG 4080
OY 4246 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCCGCCAACCCCA 4305
|||||
Db 4081 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAAACTGGTCCGCCAACCCCA 4140
OY 4306 GATGGCATTTGGCTCAAAATGAATGTCAAAATGATTAACAAAGCAAGTAATGAT 4365
|||||
Db 4141 GATGGCATTTGGCTCAAAATGAATGTCAAAATGATTAACAAAGCAAGTAATGAT 4200
OY 4366 GCCAATTAAGAAAGGACATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTTGAAAAAGCC 4425
|||||
Db 4201 GCCAATTAAGAAAGGACATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTTGAAAAAGCC 4260
OY 4426 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCCGCGATAACTGTGGGTGATTTAATGCCCTTTGCC 4485
|||||
Db 4261 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCCGCGATAACTGTGGGTGATTTAATGCCCTTTGCC 4320
OY 4486 CAACACACCGCTGACCTTTGACGGGATACAGGCAACGCGCTTAATAAACTGGGAGACT 4545
|||||
Db 4321 CAACACACCGCTGACCTTTGACGGGATACAGGCAACGCGCTTAATAAACTGGGAGACT 4380
OY 4546 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATCAATGCTGTG 4605
|||||
Db 4381 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATCAATGCTGTG 4440
OY 4606 GTACAGGTACTGATGCTTCACTGTCAAACTTGCCTCAAAAGCACTTAACCAATCTTAACAGC 4665

Db 4441 GTACAGGTACTATGCTTCACTGTCAAACTTGCCTCAAAAGCACTTAACCAATCTTAACAGC 4500
|||||
OY 4666 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGCGGTGCTTTTGTACACTCAAGCGT 4725
|||||
Db 4501 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGCGGTGCTTTTGTACACTCAAGCGT 4560
OY 4726 CAAGCCAAACCAAAACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGTGGAGCTGGGTGGCAAGTGC 4785
|||||
Db 4561 CAAGCCAAACCAAAACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGTGGAGCTGGGTGGCAAGTGC 4620
OY 4786 ATCAGTAAATGGGCAAAAGGCAACAAAGATACGAGCTGCGCAATGTACACAGTTAAAC 4845
|||||
Db 4821 ATCAGTAAATGGGCAAAAGGCAACAAAGATACGAGCTGCGCAATGTACACAGTTAAAC 4680
OY 4846 GAACTACCGCAACTTTGCGTCTTGGTAAATGCTGTGAATGATTAACCTGACCGCAATCAG 4905
|||||
Db 4681 GAACTACCGCAACTTTGCGTCTTGGTAAATGCTGTGAATGATTAACCTGACCGCAATCAG 4740
OY 4906 GTTAACATTTGCGGACATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTCAATCATCAACGCACTGTC 4965
|||||
Db 4741 GTTAACATTTGCGGACATCAAAAAAGACCAAAATTCAGGTTCAATCATCAACGCACTGTC 4800
OY 4966 ATCAAGCAGGCAAGCTTGTGCGGTTAAAGCTAATTAACGATACCGCAAACTTGGCACT 5025
|||||
Db 4801 ATCAAGCAGGCAAGCTTGTGCGGTTAAAGCTAATTAACGATACCGCAAACTTGGCACT 4860
OY 5026 GGTGTATACAAAGTGGGCGGTGATTAAGAGCGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTT 5085
|||||
Db 4861 GGTGTATACAAAGTGGGCGGTGATTAAGAGCGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTT 4920
OY 5086 TGGGTCAAAACCCCAAAAGATGCGACCAAAAGCCCTGCTCGCACTTATTAACGCGGCA 5145
|||||
Db 4921 TGGGTCAAAACCCCAAAAGATGCGACCAAAAGCCCTGCTCGCACTTATTAACGCGGCA 4880
OY 5146 GGTGACCAACTTTTGTACCAACACCCCGCAGAACCCATTGACAGATTAATGAACAA 5205
|||||
Db 4981 GGTGACCAACTTTTGTACCAACACCCCGCAGAACCCATTGACAGATTAATGAACAA 5040
OY 5206 GGTATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGACCTGTGTGTACAAAGGCGTAAAC 5265
|||||
Db 5041 GGTATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGACCTGTGTGTACAAAGGCGTAAAC 5100
OY 5266 GGCATTAAGCTGAAGGCTGTCAGGCAAGCAAGTGGGAGTAAAGGTTTCCAGGCAAGGCA 5325
|||||
Db 5101 GGCATTAAGCTGAAGGCTGTCAGGCAAGCAAGTGGGAGTAAAGGTTTCCAGGCAAGGCA 5160
OY 5326 GATGTTGAAGCGCGGTTGCCATTAAGGACAAACCCAAAGGCAACCAATTCATGCGC 5385
|||||
Db 5161 GATGTTGAAGCGCGGTTGCCATTAAGGACAAACCCAAAGGCAACCAATTCATGCGC 5220
OY 5386 ATGCGTATTAACGCAACACCCAGGCGCATCAATCCATCGGATGATAGGCAATGTG 5445
|||||
Db 5221 ATGCGTATTAACGCAACACCCAGGCGCATCAATCCATCGGATGATAGGCAATGTG 5280
OY 5446 GTAGCAGGTAAACGACATCTGTCATCGGCAACCCACATCGTAAAGCTGATTAACAGT 5505
|||||
Db 5281 GTAGCAGGTAAACGACATCTGTCATCGGCAACCCACATCGTAAAGCTGATTAACAGT 5340
OY 5506 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACGATTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTTGGTGTG 5565
|||||
Db 5341 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACGATTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTTGGTGTG 5400
OY 5566 GGCATTAACATCAACGCTGACCGCAAAAGTAACTGGTTGCTTAAGTTCAAACTGCTCCATTC 5625
|||||
Db 5401 GGCATTAACATCAACGCTGACCGCAAAAGTAACTGGTTGCTTAAGTTCAAACTGCTCCATTC 5460
OY 5626 AGTGCAGGCAACACGACGACGACACAAAGCAAAATCTGACGGCAACGAGCTACCAAC 5685
|||||
Db 5461 AGTGCAGGCAACACGACGACGACACAAAGCAAAATCTGACGGCAACGAGCTACCAAC 5520
OY 5686 ACCACAGCAGGTGCAACCGGTAAAGGCTTGTCTGGAACAAAGCGGTTGGTGGC 5745
|||||

Db 5521 ACCACAGAGTGTCAACCGGTAAAGCTTTGCTGACAAAGCGCGTGGTGGC 5580
QY 5746 GTCTCCGGTGGTCCAGTGTCTGAAGCCGATCCAAATGTGGCAGAGTGAGTGC 5805
Db 5581 GTCTCCGGTGGTCCAGTGTCTGAAGCCGATCCAAATGTGGCAGAGTGAGTGC 5640
QY 5806 AGTGCACACGACCGATCGGTCAATGTGTAGCCAGTGTAGCAAAAGCCCAAGCATTT 5865
Db 5641 ATGTGCACACGACCGATCGGTCAATGTGTAGCCAGTGTAGCAAAAGCCCAAGCATTT 5700
QY 5866 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGACATGCTATCCACCAAAAGCAAAATAGGCAATGCA 5925
Db 5701 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGACATGCTATCCACCAAAAGCAAAATAGGCAATGCA 5760
QY 5926 GGGATTTTCATGACGATGCGATGGCGTCCATGCGCCACAGCTTCTCGGCAATGCC 5985
Db 5761 GGGATTTTCATGACGATGCGATGGCGTCCATGCGCCACAGCTTCTCGGCAATGCC 5820
QY 5986 ATGTTTACCGGGGGTATTTCCACCCACCAAGGTCAAGTGGCGTGGAGTGTGC 6045
Db 5821 ATGTTTACCGGGGGTATTTCCACCCACCAAGGTCAAGTGGCGTGGAGTGTGC 5880
QY 6046 AAGCTGTCCGATTAATGCTCAATGGTATTTAAATCAATGTTCAAGCCATCCAGGC 6105
Db 5881 AAGCTGTCCGATTAATGCTCAATGGTATTTAAATCAATGTTCAAGCCATCCAGGC 5940
QY 6106 CATGTAGGGGGCGAGTTGTGTCAGGTTTCACTTT 6141
Db 5941 CATGTAGGGGGCGAGTTGTGTCAGGTTTCACTTT 5976

RESULT 8
US-08-968-685A-9

Sequence 9, Application US/08968685A

Patent No. 6214981

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: TUCKER, KENNETH

APPLICANT: PLOSILA, LAURA

TITLE OF INVENTION: MORAXELLA CATARRHALIS OUTER MEMBRANE

TITLE OF INVENTION: PROTEIN-106 POLYPEPTIDE, GENE SEQUENCE AND USES THEREOF

NUMBER OF SEQUENCES: 21

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: PENNIE & EDMONDS LLP

STREET: 1155 Avenue of the Americas

CITY: New York

STATE: New York

COUNTRY: USA

ZIP: 10036-2711

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/968,685A

FILING DATE: No. 6214981ember 12, 1997

CLASSIFICATION:

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Baldwin, Geraldine F.

REGISTRATION NUMBER: 31,232

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 7969-060

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (212) 790-9090

TELEFAX: (212) 869-8864

TELEX: 66141 PENNIE

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 9:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 9542 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA

US-08-968-685A-9

Query Match 63.9%; Score 3924.6; DB 4; Length 9542;
Best Local Similarity 79.5%; Pred No. 0;
Matches 5108; Conservative 0; Mismatches 979; Indels 336; Gaps 26;

QY 1 ATGAATCAGATCTATTAAGTCACTTTTAACAAAGCCACAGGCATTTATGCGAGTGGCA 60
Db 218 ATGAATCAGATCTATTAAGTCACTTTTAACAAAGCCACAGGCATTTATGCGAGTGGCA 277
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACAGACAGGGGGGGGAGTGTGTCTACAGGCAAGTTGGCAGT 120
Db 278 GAGTATGCCAATATCCACAGACAGGGGGGGGAGTGTGTCTACAGGCAAGTTGGCAGT 337
QY 121 GATGAGCTGTGAGCTTTGGCCGATTTGGCGGCTGTGCTGTGATCGGTTGCAAG 180
Db 338 GTACGCACTGTGAGCTTTGGCCGATTTGGCGGCTGTGCTGTGATCGGTTGCAAG 397
QY 181 CTCAGTGGCAGTGTCTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCCCAATTGGTGAACA 240
Db 398 CTCAGTGGCAGTGTCTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCCCAATTGGTGAACA 439
QY 241 AACACGCAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCCATTTGCTATGGT 300
Db 440 GACGGGGGAA-----AAGCGGAGCCCAATGCCGCGGTGATAAATCAATTGCTATTGGT 493
QY 301 GAAATGCTAAGCAGCAGGGGGGCTCAAGCCATGCGCATGCTGATGATATAAAGTGC 360
Db 494 GATATTGCTCAGCAGCTTGGCTCTCAATCTATGCTATGCTATGACACAAATAAGTTCAAT 553
QY 361 AATGAGAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGAGTCCAGATCCATCCGCAATC 420
Db 554 AATTCAATTAATTAATGCTATATAGTGGCAAGCCCTCAGATTAATGATCCATCCGCAATC 613
QY 421 GGTGTGATGTAAAGCTTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 480
Db 614 GGTGTGATGTAAAGCTTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 673
QY 481 TTGCTTGATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
Db 674 TTGAAAAAGGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 721
QY 541 AACGCCATGCACTATTAAAGAAATA--CGAAGCTCAAGAGATATGATGATGATGATGAT 597
Db 722 CGCGGACAGAAAGCATTTAAAGCATATATACCACTAGCTGACACTATATCTTCAAAATAT 781
QY 598 AGAGCAGCAACCGCAAGCGCAGCAGCAGTACTGCACTGAGGAGCAATGTCATATGCAAG 657
Db 782 AGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGTACTGCACTGAGGAGCAATGTCATATGCAAG 841
QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGTGTACAGGGGCAAGAGTAAAGTGCATTCCTTGGCA 717
Db 842 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGTGTACAGGGGCAAGAGTAAAGTGCATTCCTTGGCA 901
QY 718 GTGGGTCTTCCGCGCAGCAGCGGAGGCAATCTACATGCTGTTGTTCTGTGCAACA 777
Db 902 GTGGGTCTTCCGCGCAGCAGCGGAGGCAATCTACATGCTGTTGTTCTGTGCAACA 961
QY 902 GTGGGTCTTCCGCGCAGCAGCGGAGGCAATCTACATGCTGTTGTTCTGTGCAACA 961
Db 902 GTGGGTCTTCCGCGCAGCAGCGGAGGCAATCTACATGCTGTTGTTCTGTGCAACA 961
QY 778 TCTAGTCTGTGGAGCAGATGCCCTTGTGTGACAGTACTGCTGCTACAGGCGAGT 837
Db 962 GCTATGCGGTTTTCAGAGCAGCGGTTGTGTGAGTACTCAATGTTAATTGATTCAGAGT 1021
QY 838 ATTGCCCTAGTCAAGTCTGTTGTACCTCAGAGTCAATGATTAAT-----TCT 885
Db 1022 ATTGCCCTAGTCTGTTGTCTCAGTCTTCAAGAGATATGATTAATGTCAGCAAAAT 1081
QY 886 AGACGCGCTATACACCA--AATACCAAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCAC--C 939
Db 1082 GTACGGGCTATACACCAAGTATGATTAACAGCCCAATAGACAACCGGATTAAGACCACTTC 1141
QY 940 AATAATGCAAGGCGGCTCCACTTTCATTTGATGTA-----ACTGTATCAAA 987
Db 1142 AAGAATGCTGTACGATGATATTTTCATTTGTAATAGTAATGGAATGACAGTATCAGG 1201

QY	988	CGTAAATCATCAATGTCGGTGCAGAGTGTTAATATAAACCGATGGCGGCATATGTTGGACAG	1047
Db	1202	CGTAAATCATCAATGTCGGTGCAGAGTTCGCGGATACCGATGGCGTCAATGTGGACAG	1261
QY	1048	CTAGAAGCGGTGGTGAAGTGGGCTTAAGGAGCGGTAGAAATACCTTTTTCAGGGGTGATGATAAC	1107
Db	1262	CTTAAAGCGGGGTGAGGCTGGCTA --- ATGTCGAATTACTTTTAAAGGGATGATAGC	1318
QY	1108	AGTACTGACGTAAAAATAGTTTGGATATATCTTTAACTATTAAAGTGGTGCAGAGACC	1167
Db	1319	AATATATAGATGAGAAAAAGTTTGGCGAAGACTTTAACTATACAGGGTGGTGCAGAGACC	1378
QY	1168	AACGCTTAACCGGATTAATATATTCGGGTGTGGTAAAGAGCGCTGATTAATAGTGTGAAA	1227
Db	1379	AGCGATTTAACCGATCATATACATCGGTGTGGTACAAATAATGGCGA ----- TGGTCTGAAA	1432
QY	1228	GTTAAACTTGGTAAACCTTTTAAACAATCTTACTGAGGTGAATCAACTATCAATTAATGCC	1287
Db	1433	GTTCAACTGTGGTGAAGACTTTTAAACGCGCTTAAATGGTTACACAGTGAACCTAACCGGCC	1492
QY	1288	ACAACACAGTTAAGGTAGTGTAGTGTAGTACTACTACAGCTGA -----	1331
Db	1493	AACGAGAAAGTTACCGTAGGGCAAAACCGGCTTACCACAGATAAATGGTTTACCAAT	1552
QY	1332	-----ATTATGATGATAGTTTAACTTTTACCCAGGCCA ----- ATACA	1371
Db	1553	GATATGAATGCGATGTGATGAAGAACAACTTTATCTTGATTAAGAGACACTGGCATTCATGCA	1612
QY	1372	GGCAGTCAAGCAACAGCAAAACCGCTATGCGGTTAATGGGGGTGAAGTTTACTATATAT	1431
Db	1613	GGTGGTCAAAAGTTTACCAAACTTACTGCTGGTGTAGTGTAGATGAGCATGCGGCACTTAT	1672
QY	1432	GCAGAAACAACAGCAGCAATCGGCACTACTCGTATTACC ----- AGACATAAA	1479
Db	1673	GGACACTTAAAAAATTAACCAAAACCGCTGAAGAGTCTACAAACCTTTACCGTTAA	1732
QY	1480	ATTGCGTTGCTCGAATGTGTATGTGTGAAGAAACAAGCACACCAATTTTGGATTAATAAA	1539
Db	1733	AAGGTAGATTAATAATGTGTAATGTGTAATGACAGCAAAATCATCACCGTGGGTAAAAAT	1792
QY	1540	CAACTTAAAGTGGTGTAGTGTTCGAATTACCATTA ----- GACAAATGGCAATTGAT	1587
Db	1793	AACAACACAGCGGTACTCAAGTCAACACCCCTTAAACTCAAGGTGAATAAACGGTGTGAT	1852
QY	1588	GCAGGTATTAATAAAGATCAATACTTTGCCAAAGTATAGCATGTCTTAACGATGGGGTTAA	1647
Db	1853	GTTTACAACCCGAACAAATGTGTAGTTACTTGTGGCTTATACCAAAATTAAGGTCTGACC	1912
QY	1648	ATGCAACAGTCAAAAGCGCGCAAGCCCTACTTTTAAAGCGACAGGCGCTGGCATCACTGTCA	1707
Db	1913	GTTGGCAACAGCACCCCTTAACCAAGATGGCTTTCTGTAAAAACAACCAATTAATACAAA	1972
QY	1708	CCTACTGAATATATCAGTTGATGCTAAGAGTGGCAATGTTACGGCCCAACTTACAACTT	1767
Db	1973	CAAAATCCAACTCGGTGCTGATGCGATTAACAATTTAGTATATACAGCAATATGTAAGCCAGGT	2032
QY	1768	G-----GCGTGAAGAACACCGAGGCTTAAACAGTATGGCACTAGTGAATTAATTTAGTGT	1821
Db	2033	GCTGGCAATTGAATATACCACTCGCATTAACGAGAGACGGTATTTGGTTTGGTAATTAATACT	2092
QY	1822	AAGGTAGTGTACGAACAATAGCTAGTTACC ----- GCCGAA	1860
Db	2093	GGTTCAATTTGATGCAAAACAAACCCCGCTTAAACCCCACTGGCATTTAACGAGAGTGTAAA	2152
QY	1861	CATTGGCAGACTATCTAAATGAAGTCAATTCGAAGGCGCTGCACTGTGCTTACAAAGCTTT	1920
Db	2153	GAGGTGACCAATGTCCATTTGCCATTTAACCTTCTTACCAATGTTGGGCGAGCTTGACTTT	2212
QY	1921	-----ACCATTAAAGAA	1932
Db	2213	ATGAACCGCCCTAAGACATGCTTAATACGGAATAATCAGGCTCTGCCCGCACCATTTAAAGAC	2272
QY	1933	GAAAGCATGATGACGCCAACCGCTATACCGTGGCTTAAAGTATACGACAAAATAATGCCGGC	1992

[illegible]

Db	3347	GATATATACGCTGACACCATCACCTGGGGTAAAGATGCAAAAACCAATCAAGTCAACACC	3406
Qy	2962	CTAACACTCAAAAGTGAAGAACGGTCTTAATATTATTAACCGCAACAAATGATACGGTTACC	3021
Db	3407	CTAAACTCAAAAGTGAAGAACGGTCTTGATATTTCAAACCAATAAAGATGTACGGTTACC	3466
Qy	3022	TTTGGCTTTAAACACACACGGGCTCTTAAGCGCGGCAAAAGCAC - - CTAAAGCAGGT	3078
Db	3467	TTTTGGCTTTAAACACCCCAAAACGGTCTTAAAGCGCGCAACACACCTCTAAACAAAT	3526
Qy	3079	GGCTGTCTATTAAAAAACCACCTGCTAGCAACAAATCCAAAGTGGGTCGATAGCGGTG	3138
Db	3527	GGCTGTCTATTAAAAACACCGCTGGTATACGAACAAATCCAAAGTGGGTCGATAGCGGTG	3586
Qy	3139	AAGTTGCCACAGGTTAATTAATTAATGTTGTAAGTCTCGCATTTGATGCAACATCGC	3198
Db	3587	AAGTTGCCACAGG - - TAAATAATGTTGTTAAGTGGTGGCATTTGATGCAACATCGC	3643
Qy	3199	ATTACACGAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGCGTCACCTGATATAAGCAAAACC	3258
Db	3644	ATTACACGAGATGAAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGCGTCACCTGATATAAGCAAAACC	3703
Qy	3259	CACCTAAGCAAAAGCGGCATTAAACGAGGTGCTAAAAAGATTACCAATTCATTCAGGT	3318
Db	3704	CACCTAAGCAAAAGCGGCATTAAACGAGGTGCTAAAAAGATTACCAATTCATTCAGGT	3763
Qy	3319	GAGTTGCCCAAAACGCCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAATTAATTAATTAAC	3378
Db	3764	GAGTTGCCCAAAACGCCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAATTAATTAATTAAC	3823
Qy	3379	GAACCTGAAAAACAAATCAGCAGTACTCTGCAAAACAGCAACAACTCTTTACAGAAATTC	3438
Db	3824	GAACCTGAAAAACAAATCAGCAGTACTCTGCAAAACAGCAACAACTCTTTACAGAAATTC	3883
Qy	3439	TCAGTACGAGTGAACAGGTAATTAATCTTACGGTTAGTAACCCCTTACTCCAATTATGAC	3498
Db	3884	TCAGTACGAGTGAACAGGTAATTAATCTTACGGTTAGTAACCCCTTACTCCAATTATGAC	3943
Qy	3499	ACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACCTTTCGAGGTGGAAGAGGGATTACCAACAAAGTA	3558
Db	3944	ACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACCTTTCGAGGTGGAAGAGGGATTACCAACAAAGTA	4003
Qy	3559	AATAAAGGTGTGCTGTGGCATTTGACCAACCAAGGCTTAACACGCGCTTAAGCTG	3618
Db	4004	AATAAAGGTGTGCTGTGGCATTTGACCAACCAAGGCTTAACACGCGCTTAAGCTG	4063
Qy	3619	ACCGGGTATTAATTAATGSCAAAGGACTTGTCATGACGCCAAATATGCTCAAAATACC	3678
Db	4064	ACCGGGTATTAATTAATGSCAAAGGACTTGTCATGACGCCAAATATGCTCAAAATACC	4123
Qy	3679	ATCACAGGACTTAACCACTCTAGCTAATGTTTACCCAATGATTAAGTATAGCTACGACC	3738
Db	4124	ATCACAGGACTTAACCACTCTAGCTAATGTTTACCCAATGATTAAGTATAGCTACGACC	4183
Qy	3739	ACAAGAACAAGGCAATATAATCAAGAGCAAGACAAACCCCGCGCGGACAGTGTGTAT	3788
Db	4184	ACAAGAACAAGGCAATATAATCAAGAGCAAGACAAACCCCGCGCGGACAGTGTGTAT	4243
Qy	3799	GTCGTAAGCGCAGGCTTTAATCTTGCAAGCAATGATGAAGCGGTTGACTTTGCTCCACT	3858
Db	4244	GTCGTAAGCGCAGGCTTTAATCTTGCAAGCAATGATGAAGCGGTTGACTTTGCTCCACT	4303
Qy	3859	TATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCGACACACCGCTTAAGGTGACTATGATGAC	3918
Db	4304	TATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCGACACACCGCTTAAGGTGACTATGATGAC	4363
Qy	3919	ACAACCAAAACACAGTAAAGTGTGCTATGATGTCAAATGTGGATGATCAACACTTGAAGTT	3978
Db	4364	ACAACCAAAACACAGTAAAGTGTGCTATGATGTCAAATGTGGATGATCAACACTTGAAGTT	4422
Qy	3979	AAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCAATTGACCAAGTACTGCGACAGGCTCTAT	4038
Db	4424	AAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCAATTGACCAAGTACTGCGACAGGCTCTAT	4488

QY	4039	AAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCTTGTCAAGGCCAGTGAATGCTT	4098
Db	4484	AAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCTTGTCAAGGCCAGTGAATGCTT	4543
QY	4099	GCTCATCTAAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACCTGGCCAAAGGGGGCAAGCCAGCGAAC	4158
Db	4544	GCTCATCTAAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACCTGGCCAAAGGGGGCAAGCCAGCGAAC	4603
QY	4159	AACTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGTATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGTACCGATTAAC	4218
Db	4604	AGCTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGTATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGTACCGATTAAC	4663
QY	4219	AAAGTACTTCAAGCCAAAATATGATGGCAGACGTTGATTAACCAAGAAAGAGTTGCCAAAAGAC	4278
Db	4664	AAAGTACTTCAAGCCAAAATATGATGGCAGACGTTGATTAACCAAGAAAGAGTTGCCAAAAGAC	4723
QY	4279	AAACGTGCGCGCCCAAGCCCAACCCGAGATGGACATTTGGCTCAATTAATGTCAAAATCA	4338
Db	4724	AAACGTGCGCGCCCAAGCCCAACCCGAGATGGACATTTGGCTCAATTAATGTCAAAATCA	4733
QY	4339	GTCATTAAACAAGACAAGTAATGATGCCAATAAAAAGCAAGGCATCAATGAAGACACAC	4398
Db	4784	GTCATTAAACAAGACAAGTAATGATGCCAATAAAAAGCAAGGCATCAATGAAGACACAC	4843
QY	4399	GCCTTTGTAAAGACCTTGAAAAAAGCCGCTTGTGATTAACAAACCAAAAAGCCCGCAGTA	4458
Db	4844	GCCTTTGTAAAGACCTTGAAAAAAGCCGCTTGTGATTAACAAACCAAAAAGCCCGCAGTA	4903
QY	4459	ACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGGCCCAACACCGCTGACCTTTGCAGGGGATTAACAGGC	4518
Db	4904	ACTGTGGGTGATTTAAATGCCGTTGGCCCAACACCGCTGACCTTTGCAGGGGATTAACAGGC	4963
QY	4519	ACAAGGCTAATAAAACGTGGCGGAGACTTTGACCATAAAGGTGGGCAAAACAGACACCAAT	4578
Db	4964	ACAAGGCTAATAAAACGTGGCGGAGACTTTGACCATAAAGGTGGGCAAAACAGACACCAAT	5023
QY	4579	AAGTAACCCGATTAATTAACATCGGTGTGTAGCAGGTACGATGAGGCTTCACTGTCAAACTT	4638
Db	5024	AAGTAACCCGATTAATTAACATCGGTGTGTAGCAGGTACGATGAGGCTTCACTGTCAAACTT	5083
QY	4639	GCCAAAGACTTAACCAATCTTTAACAGCGTTTAATGCAGGTGGCAGCAACAAATATGATACAAA	4698
Db	5084	GCCAAAGACTTAACCAATCTTTAACAGCGTTTAATGCAGGTGGCAGCAACAAATATGATACAAA	5143
QY	4699	GCGGTGCTTTTGTAGACTCAAGGGGTGCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAAGTATGCC	4758
Db	5144	GCGGTGCTTTTGTAGACTCAAGGGGTGCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAAGTATGCC	5203
QY	4759	AATGGGCTGGAACCTGGGTGGCAAGTCATCAGTAATGTGGGCCAAAGCACAAGATATCC	4818
Db	5204	AATGGGCTGGAACCTGGGTGGCAAGTCATCAGTAATGTGGGCCAAAGCACAAGATATCC	5263
QY	4819	GACGCTGCACATGTACAACAAGTTAAAGAAAGTACGCAACTGTGTGGGCTTGTGTAATGCT	4878
Db	5264	GACGCTGCACATGTACAACAAGTTAAAGAAAGTACGCAACTGTGTGGGCTTGTGTAATGCT	5323
QY	4879	GGTAAATGATTAACCGCTGAGCGCAATCAGGTAAACATTTGCCAGCATCAAAAAAGACCCCAAT	4938
Db	5324	GGTAAATGATTAACCGCTGAGCGCAATCAGGTAAACATTTGCCAGCATCAAAAAAGACCCCAAT	5383
QY	4939	TCAGGTTCAATCATCTAACCGGACCTGTCAATCAAAAGCAGCAGGTAATCTTGGCGGTAAAGGT	4998
Db	5384	TCAGGTTCAATCATCTAACCGGACCTGTCAATCAAAAGCAGCAGGTAATCTTGGCGGTAAAGGT	5443
QY	4999	AATTAACGATACCGAAAAAATCTTGCACATGTGGTATACAAAGTGGGCTGTGATTAACAGCGC	5058
Db	5444	AATTAACGATACCGAAAAAATCTTGCACATGTGGTATACAAAGTGGGCTGTGATTAACAGCGC	5503
QY	5059	AACGCTAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAA	5118
Db	5504	AACGCTAACGGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAAAGATGGCAGCAAAAAA	5563

QY 5119 GCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCCGAGGTACAGCAACTATTGTGACCAACACCCCGCA 5178
 |||||||
 Db 5564 GCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCCGAGGTACAGCAACTATTGTGACCAACACCCCGCA 5623
 |||||||
 QY 5179 GAAGCATTGACAGATAATTAACAGGTATCCGCTTCTTCATAGTCAACATGGCAAT 5238
 |||||||
 Db 5624 GAAGCATTGACAGATAATTAACAGGTATCCGCTTCTTCATAGTCAACATGGCAAT 5683
 |||||||
 QY 5239 CAAGAGCCTGTGCTGCAAGGCGGTAAAGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAAGGCAAGCACTCA 5298
 |||||||
 Db 5684 CAAGAGCCTGTGCTGCAAGGCGGTAAAGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAAGGCAAGCACTCA 5743
 |||||||
 QY 5299 GTGGGATAGGTTTCCAGGCCAAGGCAGATGGTGAAGCCGCCGTTGCCATAGGACAGCAA 5358
 |||||||
 Db 5744 GTGGGATAGGTTTCCAGGCCAAGGCAGATGGTGAAGCCGCCGTTGCCATAGGACAGCAA 5803
 |||||||
 QY 5359 ACCCAAGAGGCAACCATTCATCGGCATTCGGTATACGCCAAGCCCAAGCGGCGCATCAA 5418
 |||||||
 Db 5804 ACCCAAGAGGCAACCATTCATCGGCATTCGGTATACGCCAAGCCCAAGCGGCGCATCAA 5863
 |||||||
 QY 5419 TCCATCGCCATTCGCTACAGCAAGTGTGTAGCAGGTAAAGCACTCTGTGCTCGGCGAC 5478
 |||||||
 Db 5864 TCCATCGCCATTCGCTACAGCAAGTGTGTAGCAGGTAAAGCACTCTGTGCTCGGCGAC 5923
 |||||||
 QY 5479 CCAGGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATACACCAAGTTTACCGAT 5538
 |||||||
 Db 5924 CCAGGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATACACCAAGTTTACCGAT 5983
 |||||||
 QY 5539 GCCACTCAACCGATGCTTGTGGTGGCAATATACCTCCGTCACCGGAAGTAACTCG 5598
 |||||||
 Db 5984 GCCACTCAACCGATGCTTGTGGTGGCAATATACCTCCGTCACCGGAAGTAACTCG 6043
 |||||||
 QY 5599 GTTGCTTGAAGTTCAAACTGCTGCTACAGTACAGGACACAGCAGCAGCAACAGCCAAA 5658
 |||||||
 Db 6044 GTTGCTTGAAGTTCAAACTGCTGCTACAGTACAGGACACAGCAGCAGCAACAGCCAAA 6103
 |||||||
 QY 5659 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGAGGTGCAACCGGTTAAAGGC 5718
 |||||||
 Db 6104 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGAGGTGCAACCGGTTAAAGGC 6163
 |||||||
 QY 5719 TTTGCTGCAAAAGCGCGTGTGGCGGCTCTCCGCTGCTCAGTGGTGAAGCGCGT 5778
 |||||||
 Db 6164 TTTGCTGCAAAAGCGCGTGTGGCGGCTCTCCGCTGCTCAGTGGTGAAGCGCGT 6223
 |||||||
 QY 5779 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGTGCCTGCAATGGTAGC 5838
 |||||||
 Db 6224 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGTGCCTGCAATGGTAGC 6283
 |||||||
 QY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 5898
 |||||||
 Db 6284 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 6343
 |||||||
 QY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCGCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 5958
 |||||||
 Db 6344 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCGCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 6403
 |||||||
 QY 5959 CCACAAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGCCACCCACAACGCT 6018
 |||||||
 Db 6404 CCACAAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGCCACCCACAACGCT 6463
 |||||||
 QY 6019 CAAGGTGCGGTGGAGAGTGTGCAAGCTGTGCGATTAATGTGCAATGGCTATTAA 6078
 |||||||
 Db 6464 CAAGGTGCGGTGGAGAGTGTGCAAGCTGTGCGATTAATGTGCAATGGCTATTAA 6523
 |||||||
 QY 6079 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGCGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6138
 |||||||
 Db 6524 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGCGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6583
 |||||||
 QY 6139 TTT 6141
 |||
 Db 6584 TTT 6586

RESULT 9
 US-09-268-347-29
 ; Sequence 29, Application US/09268347
 ; Patent No. 6335182
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
 ; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT HAEMOPHILUS INFLUENZAE ADHESIN PROTEINS
 ; FILE REFERENCE: 1038-860
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/268,347
 ; CURRENT FILING DATE: 1999-03-16
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 54
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 29
 ; LENGTH: 3030
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Haemophilus influenzae
 US-09-268-347-29

Query Match 2.4%; Score 146.2; DB 4; Length 3030;
 Best Local Similarity 58.4%; Pred. No. 4.8e-30;
 Matches 281; Conservative 0; Mismatches 188; Indels 12; Gaps 1;

QY 5659 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGAGGTGCAACCGGTTAAAGGC 5718
 |||||||
 Db 2540 AAATCTGATGTGATACGCGCGGTAAACACTGCTGCGGCAACGCTAACCGGC 2599
 |||||||
 QY 5719 TTTGCTGCAAAAGCGCGTGTGGCTGCTCCGCTGCTCAGTGGTGAAGCGCGT 5778
 |||||||
 Db 2600 TTTGCGGCTGCAACGCGCCACGCGTGGCTGCTGCGGCAAGTGGCGAAGAGACGT 2659
 |||||||
 QY 5779 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGTGCCTGCAATGGTAGC 5838
 |||||||
 Db 2660 ATCCAAAGCTGCGCGGAGGGAATTTCCGCTACTTCCACAGATGGCATTAAGCGTAGC 2719
 |||||||
 QY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 5898
 |||||||
 Db 2720 CAGTTGTGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACAAC-----CTTGTGCAACAGT 2767
 |||||||
 QY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCGCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 5958
 |||||||
 Db 2768 AATAAAGTGGGCAACAGTGCAGATGACAGTACAGCAAGTATAGCGCTTACAGTTA 2827
 |||||||
 QY 5959 CCACAAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGCCACCCACAACGCT 6018
 |||||||
 Db 2828 CCACAAGCCTACATTCCTGCGAGTAAATCAATGTTCTATTGCGGGAAGTATTAACAAGT 2887
 |||||||
 QY 6019 CAAGTGGCGGTGGAGAGTGTGCAAGCTGTGCGATTAATGTGCAATGGCTATTAA 6078
 |||||||
 Db 2888 CAAGTGGTTTACGATTCGCGGATTCAGAAATTTCCGATTAATGCAAGTATTATTCGC 2947
 |||||||
 QY 6079 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGCGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6138
 |||||||
 Db 2948 TTGTACAGCACAACCAATAGCAAGTTAAACAGCGGTTCGACAGAGGTGTTTACAG 3007
 |||||||
 QY 6139 T 6139
 |||
 Db 3008 T 3008

RESULT 10
 US-09-268-347-23
 ; Sequence 23, Application US/09268347
 ; Patent No. 6335182
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
 ; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT HAEMOPHILUS INFLUENZAE ADHESIN PROTEINS
 ; FILE REFERENCE: 1038-860
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/268,347
 ; CURRENT FILING DATE: 1999-03-16
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 54
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 23
 ; LENGTH: 3036

RESULT 11
 US-08-913-942-14
 Sequence 14, Application US/08913942
 Patent No. 6200578
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: St. Geme, Joseph
 APPLICANT: Barekcamp, Stephen J.
 TITLE OF INVENTION: HAEMOPHILUS ADHESION PROTEINS
 NUMBER OF SEQUENCES: 19
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESS: Flehr Hobbach Test Albritton & Herbert LLP
 STREET: Four Embarcadero Center, Suite 3400
 CITY: San Francisco
 STATE: California
 COUNTRY: United States
 ZIP: 94111-4187
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: Floppy disk
 COMPUTER: IBM PC compatible
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.30
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/08/913,942
 FILING DATE: 29-DEC-1997
 CLASSIFICATION: 514
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US 08/409,995
 FILING DATE: 24-MAR-1995

QY	5783	AAATATGGCAGGAGGAGGTCAAGCCACGACCGCATGCGTCATGGTACAGT	584.42
Db	1670	AAAACGTGCGGCGAGCGAATTTCTGCCACTTCCACCGCATCGATTAAAGMAECCAGT	1729.99
QY	5843	TGTAC-----AAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAGCACAACCATGAGCTTGCACATC	5893.93
Db	1730	TGTATGCCGTGGGCAAAAAGGGGTAAACAACCTTGTGGACAAAGTAATATCTTGGAGGCA	1789.99
QY	5894	GTTATCCACCAAAAGAAATTAAGCCATGACAGGATTTCACTACGATGGCGATGGCGT	5953.93
Db	1790	AAGGAATTAAGTGGGCGCAAACTGCAGATGACAGGTACTGCCAAGTCAATTAGCGGGCTTAC	1849.99
QY	5954	CCATGCGCACAAGGCTCATCTTCGTGGAGATTCATGGTTACGGGGGTTATTGCCACCACCA	6013.3
Db	1850	AGTTACCAAGCCACTATGCCAGGTAAATCATATGGTTTCTATTTCGGGGAAGTAATTATC	1909.99
QY	6014	ACGGTCAAGGTGGCGGTGGCAGTGGGACTGTCCGAAGTGTCCGATTAATGTCATATGGGTAT	6073.3
Db	1910	AAGTGTCAAAATGGTTTAGTATATCGGGGTATCAAGAATTTCCGATTAATGGCAAAAGATTA	1969.99
QY	6074	TTTAAATCAATGTTTACGCCGATACCCAAAGGCCATGTAGGGGCGGCACTTGGTGCAGTTT	6133.99
Db	1970	TTTCCTGTCTGGACCAACCAATATGCAAGTAAACAGCGCTTCACAGCAGGTGTGGSTT	2029.99
QY	6134	TTTCACT 6139	
Db	2030	ACCAGT 2035	

RESULT 12
US-08-409-995-1
Sequence 1, Application US/08409995
Patent No. 5646259
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Barenkamp, Stephen I.
APPLICANT: St. Gene III, Joseph W.
TITLE OF INVENTION: Haemophilus Adhesion Proteins
NUMBER OF SEQUENCES: 6
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Fleish, Hohbach, Test, Albritton & Herbert
STREET: Four Embarcadero Center, Suite 3400
CITY: San Francisco
STATE: CA
COUNTRY: USA
ZIP: 94111-4187
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```

SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/409,995
FILING DATE: 24-MAR-1995
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Silva, Robin M.
REGISTRATION NUMBER: 38,304
REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-61053/RFT
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 781-1989
TELEFAX: (415) 398-3249
TELEX: 910 277299
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3294 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: unknown
US-08-409-995-1

```

```

Query Match      1.3%: Score 82.8; DB 1: Length 3294;
Best Local Similarity 49.8%; Pred. No. 1.6e-12;
Matches 244; Conservative 0; Mismatches 237; Indels 9; Gaps 1;

```

```

QY 5659 AATCTGACGCGACAGAGTACACACACAGCAGGTCGAACCGGTAAAGGC 5718
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2803 AAGCTGACGGTACTCGCGATTAACCAAGCGAAGTACGATTAAGTTCTAC 2862
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5719 TTTGCTGACAAAGCGCGTGTGCGGCTCTCCGTGGGCTCAGGTGCAACGCCGT 5778
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2863 GATGAAACACAGTTGTCAGCCTTGATCAATGATCAATCAAGGTAAGGTGCTG 2922
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCAATGCGCACACAGCAGATCGGTCAATGTAGC 5838
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2923 ATTGCAATGTGGGTAAATGGGATTTCTGCACTTCCACCGATGCCATTAACGGAAGT 2982
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5839 CAGTTGTAC-----AAAGCCACCAAGATGTCGCAAGCAAGCAATGAGCTTGAC 5889
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2983 CAGTTGTATGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACCTTGCTGGACAAGTAAATATCTTGAG 3042
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5890 CATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGCCCAATGAGGATTTTCATCCCATGCGCATG 5949
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3043 GCGCAAGTGAATTAAGTGGCAAGCGTCAGATGCAAGTACAGCAAGTACCTTACCGGCT 3102
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5950 GCGTCATGCCACCAAGCCTACATTCCTGGCAGATTCATGTTACCGGGGATTTGCCACC 6009
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3103 TCACAGTTACCAAGCAAGCACTATGCGAGTAAATCAATGTTGCTATTCGCGGAAGTACT 3162
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6010 CACAACGCTCAAGGTGCGGCTGGCAGTGGAGCTGTGCAAGCTGTGCGATTAATGTCATATG 6069
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3163 TATCAAGTCAAAATGTTTGTAGTATCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAATGCGCAAGT 3222
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6070 GTATTAAATCAATGTTGCGCGATTCACCAAGGCCATGTAAGGGCGGCGAGTGTGCA 6129
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3223 ATTATTCGCTGTGACGACCAACCAATAGTCAAGGTAACAGAGGCTTGACAGGTGTT 3282
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6130 GGTTTTCACT 6139
    ||| ||| |||
DB 3283 GGTTCACAGT 3292

```

```

RESULT 13
US-08-685-467-1
Sequence 1, Application US/08685467
Patent No. 6060059
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: St. Gene III, Joseph W.
APPLICANT: Barenkamp, Stephen J.
TITLE OF INVENTION: HAEMOPHILUS ADHESION PROTEINS
NUMBER OF SEQUENCES: 6
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Flehr, Hohbach, Test, Albritton & Herbert

```

```

SCREEN: Four Embarcadero Center, Suite 3400
CITY: San Francisco
STATE: California
COUNTRY: United States
ZIP: 94111-4187
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/685,467
FILING DATE: 22-JUL-1996
CLASSIFICATION: 424
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/409,995
FILING DATE: 24-MAR-1995
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Silva, Robin M.
REGISTRATION NUMBER: 38,304
REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-61053-2/RFT/RMS
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 781-1989
TELEFAX: (415) 398-3249
TELEX: 910 277299
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3294 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: unknown
TOPOLOGY: unknown
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-685-467-1

```

```

Query Match      1.3%: Score 82.8; DB 3: Length 3294;
Best Local Similarity 49.8%; Pred. No. 1.6e-12;
Matches 244; Conservative 0; Mismatches 237; Indels 9; Gaps 1;

```

```

QY 5659 AATCTGACGCGACAGAGTACACACACAGCAGGTCGAACCGGTAAAGGC 5718
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2803 AAGCTGACGGTACTCGCGATTAACCAAGCGAAGTACGATTAAGTTCTAC 2862
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5719 TTTGCTGACAAAGCGCGTGTGCGGCTCTCCGTGGGCTCAGGTGCAACGCCGT 5778
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2863 GATGAAACACAGTTGTCAGCCTTGATCAATGATCAATCAAGGTAAGGTGCTG 2922
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCAATGCGCACACAGCAGATCGGTCAATGTAGC 5838
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2923 ATTGCAATGTGGGTAAATGGGATTTCTGCACTTCCACCGATGCCATTAACGGAAGT 2982
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5839 CAGTTGTAC-----AAAGCCACCAAGCAATGTCGCAAGCGCAACCAATGAGCTTGAC 5889
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2983 CAGTTGTATGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACCTTGCTGACCAAGTAAATATCTTGAG 3042
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5890 CATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGCCCAATGAGGATTTTCATCAGCGATGCGCATG 5949
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3043 GCGCAAGTGAATTAAGTGGCAAGCGTCAGATGCAAGTACAGCAAGTATGCGGCT 3102
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5950 GCGTCATGCCACCAAGCCTACATTCCTGGCAGATTCATGTTACCGGGGATTTGCCACC 6009
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3103 TCACAGTTACCAAGCAAGCACTATGCGAGTAAATCAATGTTGCTATTCGCGGAAGTACT 3162
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6010 CACAACGCTCAAGGTGCGGCTGGCAGTGGAGCTGTGCAAGCTGTGCGATTAATGTCATATG 6069
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3163 TATCAAGTCAAAATGTTTGTAGTATCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAATGCGCAAGT 3222
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6070 GTATTAAATCAATGTTGCGCGATTCACCAAGGCCATGTAAGGGCGGCGAGTGTGCA 6129
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3223 ATTATTCGCTGTGACGACCAACCAATAGTCAAGGTAACAGAGGCTTGACAGGTGTT 3282
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6130 GGTTTTCACT 6139
    ||| ||| |||
DB 3283 GGTTCACAGT 3292

```


Tue Mar 18 09:12:27 2003

us-09-361-619-6.rni

Page 30

Db 3283 GGTACACT 3292

Search completed: March 17, 2003, 06:03:33
Job time : 332.167 secs